

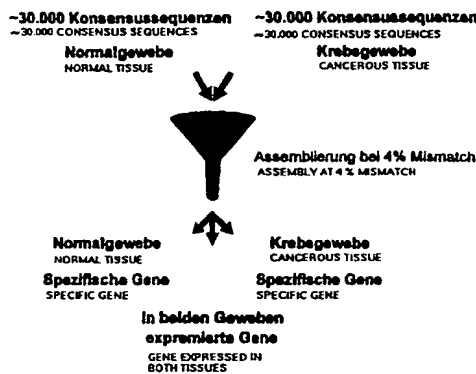


<p>(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C07K 14/47, C12N 15/10, 15/11, 15/12, 5/10, C07K 16/18, C12N 15/79</p>	<p>A2</p>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54353 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01175 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 946.4 17. April 1998 (17.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>		<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p> <p style="text-align: center; font-size: 2em;">BEST AVAILABLE COPY</p>

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
IN SILICO SUBTRACTION OF GENE EXPRESSION IN VARIOUS TISSUES



(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidsschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekanntes Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten

konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

5 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.

10 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 aufweisen.

15 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

20 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 enthalten.

50 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

5	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
10	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

15	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
20	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die <i>in silico</i> Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
25	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
30	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusnormalgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 27 gefunden, die 6,7 .x stärker im normalen Uterusmyometrium als im Myomgewebe vorkommt und das humane gas 1 Gen darstellt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
5	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
25	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
30	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0253			
35	Endokrines_Gewebe	0.0979			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Uterus_n	0.0167			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northernns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
55	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
60	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
65	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef

	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
5	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
30	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
35	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0026		1.5254	0.6555
	Brust	0.0115		0.0094		1.2250	0.8164
	Duendarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0090		0.0052		1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0025		0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0037		0.0113		0.3273	3.0557
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0220		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0148		0.0275		0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0125		0.0041		3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0240		0.2142	4.6693
20	Niere	0.0081		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0269		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0128		0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0089	0.0041	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0205			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust 0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duenn darm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0052	0.0113	0.4582	2.1827
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge 0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0054	0.0205	0.2643	3.7829
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0306	0.0954	0.3202	3.1226
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0106			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0111			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
60	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0231			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0205			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust 0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0205	0.2643	3.7829
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0041			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0057			
60	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0010			
	Prostata 0.0068			
65	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0275	0.1156	8.6471
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust 0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duendarm 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0103	0.0144	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere 0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas 0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0196	0.0234	0.8375	1.1940
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0083			
	Gehirn 0.0125			
40	Haematopoetisch 0.0157			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0072			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0242			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0456			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0140			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0057			
60	Haut-Muskel 0.0259			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0150	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0060	7.1388	0.1401
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0067	0.0072	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
55	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
60	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151
	Brust	0.0397	0.0169	2.3440	0.4266
	Duenndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0599	0.0312	1.9188	0.5212
10	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0226	2.1132	0.4732
	Gastrointestinal	0.0134	0.0416	0.3221	3.1043
	Gehirn	0.0163	0.0205	0.7920	1.2627
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0412	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0114	0.0225	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0360	0.3807	2.6265
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0149	0.0497	0.2991	3.3428
	Penis	0.0449	0.0800	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0305	0.0405	0.7543	1.3258
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
30	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0639			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0472			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.1253			
60	Haut-Muskel	0.0745			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	0.0204	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0307	0.0165	0.0165	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0120	0.0026	0.0026	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0050	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0536	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.0041	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	0.0065	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	0.0230	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.0110	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1198	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0277	0.0277	0.0277	1.7323	0.5773
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0272	0.0272	0.0272	3.6474	0.2742
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0446	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0267	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0213	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
35							
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0118	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0071	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0499	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
50							
55							
	Brust	0.0204	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock_n	0.1595	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Foetal	0.0064	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0488	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
65	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0060	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0342	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_n	0.0500	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust 0.0166	0.0376	0.4423	2.2607
	Duendarm 0.0399	0.0331	1.2049	0.8299
	Eierstock 0.0270	0.0546	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0075	4.5283	0.2208
10	Gastrointestinal 0.0441	0.0278	1.5877	0.6299
	Gehirn 0.0140	0.0288	0.4885	2.0469
	Haematopoetisch 0.0361	0.0758	0.4764	2.0991
	Haut 0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz 0.0244	0.1375	0.1773	5.6394
	Hoden 0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0274	0.0300	0.9138	1.0944
20	Niere 0.0516	0.0342	1.5068	0.6637
	Pankreas 0.0215	0.0221	0.9722	1.0286
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0458	0.0277	1.6535	0.6048
	Uterus_Endometrium 0.0608	0.2111	0.2881	3.4714
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0595			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1006			
	Zervix 0.0000			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0417			
	Gastrointestinal 0.0222			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0157			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0036			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0545			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0151			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
60	Haut-Muskel 0.0194			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0060			
	Prostata 0.0068			
65	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0179	0.0150	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0067	0.0236	0.2817	3.5496
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.1695	0.1300	7.6946
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0468	0.1230	8.1305
	Lunge	0.0145	0.0143	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7133	0.5837
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0149	0.0387	0.3846	2.6000
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0392	0.0490	0.8011	1.2483
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559	0.1273
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0354			
	Haut	0.5025			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0205			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0166	0.0395	0.4213	2.3737
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0329	0.0260	1.2664	0.7897
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0050	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0144	0.5657	1.7678
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0476	0.0065	7.3530	0.1360
15	Herz	0.0148	0.0687	0.2159	4.6324
	Hoden	0.0575	0.0234	2.4599	0.4065
	Lunge	0.0270	0.0041	6.6045	0.1514
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0307	1.5757	0.6347
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0269			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0911			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
65	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0153	0.2542	3.9333
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0120	0.0078	1.5350	0.6515
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0276	0.3705	2.6991
	Gastrointestinal	0.0249	0.0093	2.6921	0.3715
	Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499	0.7408
	Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0650			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0280			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0217	0.0094	2.3138	0.4322
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499	0.7408
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0312	0.0123	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0507			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0613	0.9534	1.0489
	Brust	0.0307	0.0789	0.3889	2.5715
	Duenndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0364	1.3157	0.7600
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0627	0.8423	1.1873
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0509	0.6401	1.5623
	Gehirn	0.0407	0.0575	0.7071	1.4142
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0518	0.6434	1.5543
15	Herz	0.0477	0.0825	0.5782	1.7294
	Hoden	0.0518	0.0585	0.8856	1.1292
	Lunge	0.0602	0.0368	1.6370	0.6109
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0613	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0240	1.3564	0.7373
20	Niere	0.0299	0.0479	0.6231	1.6049
	Pankreas	0.0182	0.0442	0.4113	2.4312
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0660	0.6604	1.5142
	Uterus_Endometrium	0.1284	0.7916	0.1622	6.1662
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0319			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0688			
40	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.1272			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0786			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0778			
60	Hoden	0.1080			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0402			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0387			
65	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.1560	0.0460	3.3899	0.2950
	Brust 0.1113	0.0414	2.6912	0.3716
	Duendarm 0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock 0.0629	0.0416	1.5110	0.6618
10	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0527	0.6469	1.5458
	Gastrointestinal 0.0824	0.0139	5.9364	0.1685
	Gehirn 0.0140	0.0585	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.1689	0.0847	1.9927	0.5018
15	Hepatisch 0.0904	0.0259	3.4927	0.2863
	Herz 0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0592	0.0286	2.0684	0.4835
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
20	Muskel-Skelett 0.0891	0.1080	0.8249	1.2122
	Niere 0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas 0.0248	0.0166	1.4957	0.6686
	Penis 0.0629	0.0267	2.3586	0.4240
	Prostata 0.1700	0.0873	1.9474	0.5135
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0639			
	Prostata-Hyperplasie 0.1040			
30	Samenblase 0.0623			
	Sinnesorgane 0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.2150			
	Zervix 0.2555			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0118			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0361			
45	Nebenniere 0.0507			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0424			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0408			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0608			
55	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0070			
	Gastrointestinal 0.0488			
	Haematopoetisch 0.0057			
60	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0181			
	Prostata 0.0274			
65	Sinnesorgane 0.0774			
	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0741	0.0665	1.1147	0.8971
	Brust 0.0384	0.0376	1.0208	0.9796
	Duendarm 0.0307	0.0662	0.4634	2.1579
	Eierstock 0.0389	0.0182	2.1380	0.4677
	Endokrines_Gewebe 0.0715	0.0978	0.7315	1.3671
10	Gastrointestinal 0.0268	0.0139	1.9328	0.5174
	Gehirn 0.1878	0.2331	0.8056	1.2413
	Haematopoetisch 0.0241	0.0379	0.6352	1.5743
	Haut 0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0761	0.0776	0.9804	1.0200
15	Herz 0.0212	0.2474	0.0857	11.6735
	Hoden 0.1496	0.0351	4.2638	0.2345
	Lunge 0.0229	0.0204	1.1177	0.8947
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett 0.1370	0.0600	2.2844	0.4378
20	Niere 0.0299	0.0274	1.0904	0.9171
	Pankreas 0.0297	0.0166	1.7949	0.5571
	Penis 0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0588	0.0447	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.1525	0.0204	7.4818	0.1337
	Uterus_allgemein 0.0407	0.1908	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie 0.0224			
	Prostata-Hyperplasie 0.0268			
	Samenblase 0.2314			
30	Sinnesorgane 0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	Zervix 0.0745			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0278			
	Gastrointestinal 0.0417			
	Gehirn 0.0313			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0181			
	Nebenniere 0.0254			
45	Niere 0.0371			
	Placenta 0.0182			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0816			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.2025			
55	Endokrines_Gewebe 0.0979			
	Foetal 0.0361			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
60	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0653			
	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0542			
65	Uterus_n 0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0537	0.5085	1.9666
	Brust 0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duendarm 0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock 0.0180	0.0208	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0276	0.8027	1.2457
10	Gastrointestinal 0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn 0.0214	0.0349	0.6141	1.6284
	Haematopoetisch 0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0453	0.0000	undef
15	Herz 0.0477	0.0412	1.1565	0.8647
	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge 0.0229	0.0143	1.5967	0.6263
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett 0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
20	Niere 0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0231	0.0994	0.2327	4.2979
	Penis 0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
	Prostata 0.0610	0.0873	0.6991	1.4305
	Uterus_Endometrium 0.0878	0.2111	0.4161	2.4032
25	Uterus_Myometrium 0.0838	0.0272	3.0862	0.3240
	Uterus_allgemein 0.0560	0.0954	0.5871	1.7032
	Brust-Hyperplasie 0.0256			
	Prostata-Hyperplasie 0.0297			
	Samenblase 0.0445			
30	Sinnesorgane 0.0941			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0147			
	Zervix 0.0319			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0278			
	Gastrointestinal 0.0583			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0197			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0253			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0667			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50	%Haeufigkeit			
	Brust 0.1497			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.1418			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0210			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0171			
	Haut-Muskel 0.0648			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0100			
	Prostata 0.0547			
	Sinnesorgane 0.0077			
65	Uterus_n 0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	0.0077	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0051	0.0056	0.0056	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0153	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.0078	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0050	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	0.0046	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.0051	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0065	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0137	0.0137	0.0137	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0173	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.0041	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0077	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0055	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	0.0043	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0136	0.0136	0.0136	7.2947	0.1371
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
	FOETUS						
35	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0194					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0145					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0250					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust 0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duendarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0111	0.0133	0.8307	1.2038
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0042	0.0550	0.0771	12.9706
	Hoden 0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge 0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere 0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0610	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0194			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0079			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0217			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0242			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0340			
	Eierstock_n 0.1595			
	Eierstock_t 0.0658			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0065			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0205			
	Sinnesorgane 0.0232			
65	Uterus_n 0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				%Haeufigkeit	%Haeufigkeit
5	Blase	0.0858	0.0844	1.0170	0.9833
	Brust	0.0972	0.1053	0.9236	1.0828
	Duendarm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1677	0.0676	2.4796	0.4033
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0843	0.1573	0.5360	1.8657
	Gehirn	0.0791	0.1171	0.6758	1.4798
	Haematopoetisch	0.1043	0.0758	1.3762	0.7266
	Haut	0.0734	0.0847	0.8664	1.1542
	Hepatisch	0.0285	0.1423	0.2005	4.9866
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0460	0.1286	0.3578	2.7949
	Lunge	0.0582	0.0634	0.9177	1.0896
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0920	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0702	0.1500	0.4683	2.1354
20	Niere	0.0380	0.1232	0.3084	3.2425
	Pankreas	0.0578	0.1988	0.2908	3.4383
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1351	0.1277	1.0577	0.9454
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.1579	0.1908	0.8273	1.2088
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1367			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0850			
	Zervix	0.0958			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.1138			
	Gehirn	0.1439			
40	Haematopoetisch	0.0472			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0569			
	Lunge	0.0939			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.1112			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0211			
	Prostata	0.0889			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0230	0.0150	1.5312	0.6531
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245	2.3555
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0257	0.2304	4.3405
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0286	0.7983	1.2526
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
	Niere	0.0109	0.0411	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0327	0.0213	1.5354	0.6513
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
30	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1119			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.1268			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0929			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0137			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0383	0.4068	2.4583
	Brust	0.0563	0.0226	2.4953	0.4008
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663	0.0668
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0197	0.0102	1.9305	0.5180
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0501	0.0192	2.6159	0.3823
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust 0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0445			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0213			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.1418			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0047			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0468	0.0690	0.6780	1.4750
	Brust 0.0153	0.0113	1.3611	0.7347
	Duenn darm 0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock 0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.2417	0.1489	1.6236	0.6159
	Haematopoetisch 0.0388	0.0379	1.0234	0.9772
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz 0.0710	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.4430	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0686	0.0470	1.4578	0.6859
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere 0.0299	0.0411	0.7270	1.3756
	Pankreas 0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis 0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.1547	0.0596	2.5956	0.3853
25	Uterus_Endometrium 0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.1143	0.0340	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein 0.0611	0.5725	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.1962			
30	Samenblase 0.2492			
	Sinnesorgane 0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.2768			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0438			
40	Haematopoetisch 0.0118			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0667			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0340			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0354			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0041			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0057			
60	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0309			
	Lunge 0.0328			
	Nerven 0.0512			
	Prostata 0.0547			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0435	0.0244	1.7798	0.5618
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0140	0.0092	1.5199	0.6579
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0082	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0180	1.2374	0.8082
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0204	4.1150	0.2430
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.2585			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
60	Hoden	0.0463			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.2168			
65	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust 0.0473	0.0207	2.2890	0.4369
	Duenn darm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
	Endokrines Gewebe 0.0119	0.0226	0.5283	1.8928
10	Gastrointestinal 0.0211	0.0231	0.9112	1.0975
	Gehirn 0.0067	0.0246	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0343	0.0020	16.7651	0.0596
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0420	0.4895	2.0428
20	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis 0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata 0.0458	0.0426	1.0748	0.9304
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.1908	0.0801	12.4905
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0720			
	Zervix 0.0319			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0118			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0181			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0502			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0748			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0253			
55	Endokrines_Gewebe 0.0735			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0171			
60	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0060			
	Prostata 0.0274			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0217	0.0226	0.9641	1.0373
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0338	0.3542	2.8230
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0150	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0046	4.1417	0.2414
	Gehirn	0.0155	0.0216	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412	7.0845
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0364	0.0143	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0180	1.0470	0.9551
20	Niere	0.0217	0.0411	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0120	0.0533	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0349	0.0213	1.6378	0.6106
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0618			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0239			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust 0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0060	0.0130	0.4605	2.1715
	Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0201	1.1038	0.9060
10	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0185	0.0267	0.6923	1.4445
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden 0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere 0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0236			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0534			
	Lunge 0.0145			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0364			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0557			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0105			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0130			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0080			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0234	0.8954	1.1168
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0231	0.1657	6.0362
	Gehirn	0.0126	0.0175	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0068	11.2227	0.0891
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0197			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0506			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust 0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0078	1.5350	0.6515
10	Endokrines_Gewebe 0.0170	0.0050	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal 0.0134	0.0278	0.4832	2.0695
	Gehirn 0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut 0.0220	0.0847	0.2599	3.8473
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0117	0.0412	0.2827	3.5374
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0052	0.0102	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0171	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
30	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0147			
	Zervix 0.0319			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0182			
	Prostata 0.0748			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0810			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0488			
	Haematopoetisch 0.0000			
60	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0309			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase	0.0351	0.0383	0.9153	1.0926	
	Brust	0.0499	0.1165	0.4281	2.3360	
	Duennndarm	0.0491	0.0331	1.4830	0.6743	
	Eierstock	0.0629	0.0728	0.8634	1.1582	
10	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0100	3.3962	0.2944	
	Gastrointestinal	0.0383	0.1110	0.3451	2.8974	
	Gehirn	0.0347	0.0339	1.0254	0.9752	
	Haematopoetisch	0.0401	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0330	0.0847	0.3899	2.5649	
15	Hepatisch	0.0381	0.0453	0.8403	1.1900	
	Herz	0.0254	0.0550	0.4626	2.1618	
	Hoden	0.0748	0.1052	0.7106	1.4072	
	Lunge	0.0384	0.0613	0.6266	1.5960	
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0613	1.2605	0.7933	
20	Muskel-Skelett	0.0531	0.0360	1.4753	0.6778	
	Niere	0.0299	0.0753	0.3965	2.5219	
	Pankreas	0.0083	0.0828	0.0997	10.0285	
	Penis	0.0240	0.1066	0.2246	4.4517	
	Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598	
25	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0068	13.4672	0.0743	
	Uterus_allgemein	0.0917	0.0954	0.9607	1.0409	
	Brust-Hyperplasie	0.0192				
	Prostata-Hyperplasie	0.0149				
30	Samenblase	0.0356				
	Sinnesorgane	0.0823				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616				
	Zervix	0.0852				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0167				
	Gehirn	0.0000				
40	Haematopoetisch	0.0197				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0178				
	Lunge	0.0217				
45	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0062				
	Placenta	0.0364				
	Prostata	0.0249				
	Sinnesorgane	0.0126				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0340				
	Eierstock_n	0.1595				
	Eierstock_t	0.1114				
55	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0134				
	Gastrointestinal	0.0366				
	Haematopoetisch	0.0000				
60	Haut-Muskel	0.0032				
	Hoden	0.0154				
	Lunge	0.0164				
	Nerven	0.0070				
	Prostata	0.0137				
65	Sinnesorgane	0.0077				
	Uterus_n	0.0167				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0179	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0075	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0096	0.0113	0.8509	1.1753
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0426			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1224			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0217	0.0432	0.5030	1.9881
	Duenn darm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0276	1.1115	0.8997
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319	1.0731
	Gehirn	0.0192	0.0257	0.7488	1.3355
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0129	3.3088	0.3022
15	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0374	0.0348	1.0758	0.9295
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
20	Muskel-Skelett	0.0274	0.0540	0.5076	1.9699
	Niere	0.0353	0.0068	5.1548	0.1940
	Pankreas	0.0215	0.0166	1.2963	0.7714
	Penis	0.0509	0.0533	0.9547	1.0475
	Prostata	0.0262	0.0277	0.9449	1.0583
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
		%Haefufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0472			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0780			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haefufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0464			
65	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.4367	0.1227	3.5594	0.2809
	Brust 0.0256	0.0320	0.8006	1.2490
	Duenn darm 0.1104	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0569	0.0260	2.1874	0.4572
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.1150	0.0139	8.2834	0.1207
	Gehirn 0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
	Haematopoetisch 0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
15	Herz 0.0763	0.0412	1.8503	0.5404
	Hoden 0.0748	0.0117	6.3957	0.1564
	Lunge 0.0416	0.0245	1.6934	0.5905
	Magen-Speiseroehre 0.1546	0.0690	2.2409	0.4462
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0360	0.6663	1.5009
20	Niere 0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0017	0.1657	0.0100	100.2850
	Penis 0.2605	0.0800	3.2571	0.3070
	Prostata 0.1242	0.1256	0.9889	1.0112
	Uterus_Endometrium 0.2838	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.3201	0.1087	2.9459	0.3394
	Uterus_allgemein 0.2292	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0288			
	Prostata-Hyperplasie 0.0951			
	Samenblase 0.3382			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0295			
	Zervix 0.1278			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0805			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0275			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0361			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0309			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0304			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0854			
	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0097			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0491			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0410			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.1582			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0613	0.8263	1.2102
	Brust	0.0294	0.0395	0.7453	1.3417
	Duenndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.0468	1.0233	0.9772
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0301	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0740	0.3624	2.7594
	Gehirn	0.0281	0.0534	0.5261	1.9007
	Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0323	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0435	0.0275	1.5805	0.6327
	Hoden	0.0230	0.1637	0.1406	7.1142
	Lunge	0.0623	0.0716	0.8709	1.1482
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas	0.0215	0.0884	0.2431	4.1143
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein	0.0306	0.6679	0.0457	21.8583
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.1513			
30	Sinnesorgane	0.1176			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0315			
40	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0462			
	Lunge	0.0542			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0927			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
60	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0256	0.4576	2.1852
	Brust 0.0205	0.0132	1.5555	0.6429
	Duendarm 0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0100	0.5094	1.9630
10	Gastrointestinal 0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn 0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch 0.0241	0.0379	0.6352	1.5743
	Haut 0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0244	0.0825	0.2955	3.3836
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0478	0.0307	1.5580	0.6419
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.1233	0.0120	10.2798	0.0973
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0066	0.0497	0.1330	7.5214
	Penis 0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0356			
	Zervix 0.0213			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0278			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0268			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0162			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0010			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0256	3.8136	0.2622
	Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0291	0.0164	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase	0.0078	0.0077		1.0170	0.9833	
	Brust	0.0051	0.0038		1.3611	0.7347	
	Duenn darm	0.0031	0.0000		undef	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0000		undef	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075		0.0000	undef	
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000		undef	0.0000	
	Gehirn	0.0022	0.0031		0.7200	1.3890	
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000		undef	0.0000	
	Haut	0.0073	0.0000		undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000		undef	undef	
15	Herz	0.0011	0.0137		0.0771	12.9706	
	Hoden	0.0173	0.0000		undef	0.0000	
	Lunge	0.0052	0.0020		2.5402	0.3937	
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000		undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060		0.8567	1.1673	
20	Niere	0.0027	0.0000		undef	0.0000	
	Pankreas	0.0033	0.0000		undef	0.0000	
	Penis	0.0000	0.0000		undef	undef	
	Prostata	0.0044	0.0085		0.5118	1.9538	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000		undef	undef	
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000		undef	0.0000	
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000		undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0222					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0036					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0126					
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0456					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0065					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0232					
65	Uterus_n	0.0208					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.1074	0.5085	1.9666
	Brust	0.0563	0.0470	1.1977	0.8349
	Duenn darm	0.1380	0.0331	4.1708	0.2398
	Eierstock	0.0539	0.0650	0.8289	1.2064
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1322	0.1758	0.7520	1.3297
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072	1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1652	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
15	Herz	0.1166	0.1649	0.7067	1.4150
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.1049	0.1329	0.7894	1.2668
	Magen-Speiserohre	0.1353	0.0613	2.2059	0.4533
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0570	0.0753	0.7570	1.3210
	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108	9.0256
	Penis	0.0749	0.0267	2.8079	0.3561
	Prostata	0.0610	0.0234	2.6056	0.3838
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179	0.3427
	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.1810			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0976			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.1802			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0792	0.8365	1.1954
	Brust	0.0780	0.1259	0.6196	1.6140
	Duendarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0449	0.0260	1.7269	0.5791
10	Endokrines_Gewebe	0.0664	0.0853	0.7791	1.2835
	Gastrointestinal	0.0805	0.0370	2.1744	0.4599
	Gehirn	0.0407	0.0924	0.4400	2.2729
	Haematopoetisch	0.0495	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0734	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.1165	0.2042	4.8960
15	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0403	0.0585	0.6888	1.4519
	Lunge	0.1184	0.1329	0.8910	1.1223
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0997	0.5818	1.7188
20	Muskel-Skelett	0.0634	0.0660	0.9605	1.0411
	Niere	0.0679	0.2396	0.2832	3.5307
	Pankreas	0.0182	0.0939	0.1936	5.1662
	Penis	0.0180	0.1333	0.1348	7.4196
	Prostata	0.0501	0.0681	0.7357	1.3592
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0068	8.9781	0.1114
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
30	Samenblase	0.0979			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1665			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1392			
	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0619			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0409	0.3814	2.6222	
	Brust	0.0243	0.0376	0.6465	1.5468	
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
	Eierstock	0.0210	0.0286	0.7326	1.3650	
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802	
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0370	0.8801	1.1362	
	Gehirn	0.0207	0.0534	0.3877	2.5795	
	Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999	
15	Herz	0.0551	0.0275	2.0045	0.4989	
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489	
	Lunge	0.0436	0.0552	0.7903	1.2654	
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587	
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0660	0.3894	2.5681	
20	Niere	0.0136	0.0342	0.3965	2.5219	
	Pankreas	0.0099	0.0276	0.3590	2.7857	
	Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719	
	Prostata	0.0327	0.0319	1.0236	0.9769	
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546	
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714	
	Brust-Hyperplasie	0.0288				
	Prostata-Hyperplasie	0.0416				
	Samenblase	0.1068				
30	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0486				
	Zervix	0.0106				
	FOETUS					
35	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0417				
	Gastrointestinal	0.0333				
	Gehirn	0.0188				
	Haematopoetisch	0.0393				
40	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0260				
	Herz-Blutgefafaesse	0.0107				
	Lunge	0.0253				
	Nebenniere	0.0000				
45	Niere	0.0062				
	Placenta	0.0364				
	Prostata	0.0499				
	Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0340				
	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0658				
55	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0204				
	Gastrointestinal	0.0122				
	Haematopoetisch	0.0114				
	Haut-Muskel	0.0454				
60	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0164				
	Nerven	0.0060				
	Prostata	0.0068				
	Sinnesorgane	0.0155				
65	Uterus_n	0.0042				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0507	0.0716	0.7082	1.4119
	Brust 0.0895	0.0827	1.0827	0.9237
	Duendarm 0.0583	0.0331	1.7610	0.5679
	Eierstock 0.1587	0.1509	1.0520	0.9506
	Endokrines_Gewebe 0.0579	0.0677	0.8553	1.1691
10	Gastrointestinal 0.0747	0.1619	0.4615	2.1668
	Gehirn 0.0377	0.0791	0.4769	2.0971
	Haematopoetisch 0.0762	0.0758	1.0057	0.9943
	Haut 0.0477	0.4237	0.1126	8.8784
	Hepatisch 0.0190	0.0841	0.2262	4.4200
15	Herz 0.0689	0.0550	1.2528	0.7982
	Hoden 0.0288	0.2105	0.1367	7.3174
	Lunge 0.0499	0.1063	0.4690	2.1324
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett 0.0343	0.0960	0.3569	2.8016
20	Niere 0.0652	0.1164	0.5598	1.7864
	Pankreas 0.0463	0.0718	0.6443	1.5520
	Penis 0.0749	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0894	0.0958	0.9326	1.0722
	Uterus_Endometrium 0.0743	0.1055	0.7042	1.4201
25	Uterus_Myometrium 0.0686	0.1290	0.5316	1.8811
	Uterus_allgemein 0.1273	0.3817	0.3336	2.9977
	Brust-Hyperplasie 0.0863			
	Prostata-Hyperplasie 0.1338			
	Samenblase 0.1691			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0451			
	Zervix 0.0532			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0835			
	Gastrointestinal 0.1000			
	Gehirn 0.1001			
	Haematopoetisch 0.0433			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0569			
	Lunge 0.0903			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0865			
	Placenta 0.0364			
	Prostata 0.1247			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
	Eierstock_n 0.3190			
	Eierstock_t 0.0152			
55	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0227			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0100			
	Prostata 0.0274			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1638		0.0486	3.3720	0.2966
	Brust	0.2149		0.1015	2.1172	0.4723
	Duenn darm	0.0705		0.0331	2.1317	0.4691
	Eierstock	0.2306		0.0416	5.5404	0.1805
10	Endokrines Gewebe	0.0801		0.0251	3.1925	0.3132
	Gastrointestinal	0.0881		0.1110	0.7938	1.2597
	Gehirn	0.0606		0.0472	1.2834	0.7792
	Haematopoetisch	0.0094		0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.2166		0.0847	2.5559	0.3913
	Hepatisch	0.0666		0.0259	2.5735	0.3886
15	Herz	0.1293		0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0920		0.0468	1.9679	0.5082
	Lunge	0.1226		0.0593	2.0672	0.4838
	Magen-Speiserohre	0.0483		0.0920	0.5252	1.9040
20	Muskel-Skelett	0.2073		0.2700	0.7678	1.3024
	Niere	0.1032		0.0068	15.0677	0.0664
	Pankreas	0.0281		0.0663	0.4238	2.3596
	Penis	0.1377		0.0267	5.1665	0.1936
	Prostata	0.0479		0.0277	1.7323	0.5773
25	Uterus_Endometrium	0.0878		0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1906		0.1494	1.2753	0.7841
	Uterus_allgemein	0.3310		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2782				
	Prostata-Hyperplasie	0.0981				
30	Samenblase	0.0356				
	Sinnesorgane	0.0353				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
	Zervix	0.1491				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.2783				
	Gastrointestinal	0.0833				
	Gehirn	0.0250				
40	Haematopoetisch	0.0275				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0889				
	Lunge	0.1012				
45	Nebenniere	0.1268				
	Niere	0.0432				
	Placenta	0.2969				
	Prostata	0.1496				
	Sinnesorgane	0.0502				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0544				
	Eierstock_n	0.7974				
	Eierstock_t	0.0101				
55	Endokrines_Gewebe	0.0490				
	Foetal	0.0641				
	Gastrointestinal	0.0122				
	Haematopoetisch	0.0000				
60	Haut-Muskel	0.0292				
	Hoden	0.0154				
	Lunge	0.0082				
	Nerven	0.0191				
	Prostata	0.0137				
65	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0125				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.2613	0.2147	1.2167	0.8219	
	Brust	0.2085	0.1767	1.1801	0.8474	
	Duenn darm	0.1349	0.2150	0.6274	1.5939	
	Eierstock	0.1587	0.1405	1.1299	0.8850	
	Endokrines_Gewebe	0.2146	0.1204	1.7830	0.5608	
10	Gastrointestinal	0.2088	0.1573	1.3278	0.7531	
	Gehirn	0.1974	0.1776	1.1112	0.9000	
	Haematopoetisch	0.1003	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0714	0.0906	0.7878	1.2693	
15	Herz	0.2173	0.3574	0.6079	1.6450	
	Hoden	0.0805	0.1169	0.6888	1.4519	
	Lunge	0.1195	0.2433	0.4910	2.0368	
	Magen-Speiseroehre	0.1643	0.1150	1.4286	0.7000	
	Muskel-Skelett	0.1422	0.2400	0.5925	1.6877	
20	Niere	0.1385	0.2396	0.5778	1.7307	
	Pankreas	0.1487	0.1767	0.8414	1.1886	
	Penis	0.1347	0.0267	5.0542	0.1979	
	Prostata	0.1831	0.2385	0.7677	1.3026	
	Uterus_Endometrium	0.2973	0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.2134	0.1630	1.3093	0.7638	
	Uterus_allgemein	0.2037	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.2430				
	Prostata-Hyperplasie	0.1486				
	Samenblase	0.1958				
30	Sinnesorgane	0.0235				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2315				
	Zervix	0.0745				
	FOETUS					
35	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.1250				
	Gehirn	0.0751				
	Haematopoetisch	0.1022				
40	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0520				
	Herz-Blutgefuesse	0.1174				
	Lunge	0.1806				
	Nebenniere	0.0761				
45	Niere	0.1915				
	Placenta	0.2666				
	Prostata	0.0499				
	Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
	Eierstock_n	0.4785				
	Eierstock_t	0.0456				
55	Endokrines_Gewebe	0.0979				
	Foetal	0.0128				
	Gastrointestinal	0.0610				
	Haematopoetisch	0.0228				
	Haut-Muskel	0.0130				
60	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0901				
	Nerven	0.0592				
	Prostata	0.3146				
	Sinnesorgane	0.0232				
65	Uterus_n	0.0375				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1131	0.1534	0.7373	1.3563
	Brust	0.1215	0.1165	1.0427	0.9590
	Duendarm	0.1594	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.2935	0.1405	2.0893	0.4786
	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0928	0.8628	1.1590
10	Gastrointestinal	0.1379	0.1897	0.7273	1.3749
	Gehirn	0.0495	0.1540	0.3216	3.1096
	Haematopoetisch	0.1417	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0991	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.2006	0.1660	6.0228
15	Herz	0.1304	0.1237	1.0537	0.9491
	Hoden	0.0805	0.1520	0.5298	1.8874
	Lunge	0.0800	0.1615	0.4952	2.0195
	Magen-Speiseroehre	0.0966	0.1303	0.7415	1.3486
	Muskel-Skelett	0.0651	0.0540	1.2057	0.8294
20	Niere	0.0462	0.1643	0.2809	3.5604
	Pankreas	0.0892	0.1325	0.6731	1.4857
	Penis	0.1497	0.0800	1.8719	0.5342
	Prostata	0.1286	0.1022	1.2582	0.7948
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1677	0.1698	0.9876	1.0126
	Uterus_allgemein	0.1222	0.0954	1.2810	0.7807
	Brust-Hyperplasie	0.1599			
	Prostata-Hyperplasie	0.2348			
	Samenblase	0.3738			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0642			
	Zervix	0.0852			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.2388			
	Gehirn	0.2377			
	Haematopoetisch	0.1140			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0996			
	Lunge	0.2348			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.1668			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.1025			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0077	0.0028	2.6911	0.3716
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0026	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0108	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0019	5.9354	0.1685
	Gehirn	0.0048	0.0010	4.8361	0.2068
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0108	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase 0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust 0.0123	0.0126	0.9741	1.0266
	Dickdarm 0.0115	0.0000	undef	0.0000
10	Duenn darm 0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0089	0.0048	1.8665	0.5358
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0052	0.0100	0.5222	1.9149
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0039	0.0092	0.4210	2.3755
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0514	0.0037	13.9166	0.0719
	Niere 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6855
	Prostata 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus 0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000			
	Penis 0.0107			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
35	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0072			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0182			
45	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
50	Brust_t 0.0000			
	Dickdarm_t 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden_n 0.0000			
	Hoden_t 0.0000			
	Lunge_n 0.0293			
	Lunge_t 0.0000			
	Nerven 0.0090			
65	Niere_t 0.0000			
	Ovar_Uterus 0.0000			
	Prostata_n 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0574	0.0272	2.1155	0.4727
	Blase 0.0585	0.0329	1.7780	0.5624
	Brust 0.0466	0.0141	3.3189	0.3013
	Dickdarm 0.0153	0.0285	0.5382	1.8579
	Duenn darm 0.0357	0.0107	3.3495	0.2986
10	Eierstock 0.0623	0.0310	2.0101	0.4975
	Endokrines_Gewebe 0.0482	0.0284	1.6975	0.5891
	Gehirn 0.0139	0.0259	0.5356	1.8670
	Haut 0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0046	0.0444	0.1046	9.5570
15	Herz 0.0183	0.0550	0.3323	3.0096
	Hoden 0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge 0.0117	0.0203	0.5741	1.7420
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0320	0.9068	1.1027
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0222	0.6958	1.4371
20	Niere 0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas 0.0198	0.0552	0.3590	2.7856
	Prostata 0.0311	0.0260	1.1938	0.8377
	T_Lymphom 0.0556	0.0448	1.2398	0.8066
	Uterus 0.0473	0.0046	10.281	0.0973
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0253	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0374			
	Penis 0.0402			
	Samenblase 0.0633			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
35	Gastrointestinal 0.0666			
	Gehirn 0.0250			
	Haematopoetisch 0.0551			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0289			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0556			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0249			
45	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0068			
	Brust_t 0.0000			
	Dickdarm_t 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0608			
55	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0220			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0745			
	Hoden_n 0.0042			
60	Hoden_t 0.0000			
	Lunge_n 0.0098			
	Lunge_t 0.0000			
	Nerven 0.0050			
	Niere_t 0.0000			
65	Ovar_Uterus 0.0428			
	Prostata_n 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0624	0.0188	3.3190	0.3013
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0575	0.0000	undef	0.0000
	Duenddarm	0.0329	0.0426	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0023	0.0040	0.5803	1.7234
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0063	3.6622	0.2731
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0415	0.0195	2.1223	0.4712
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0547	0.0184	2.9719	0.3365
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.1260			
	Samenblase	0.0422			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0081			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0315			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_j (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_j > C_{j-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

5 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

10 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

15 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

20 **Beispiel 4**

25 **Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom**

30 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden
35 menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltungsmuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum
40 gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

45 Neben dem Kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-
50 550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen

Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

5

Referenzen zu den Modulen:

- 10 Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)
PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

15

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus- Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	Chickens mRNA for leucine zipper protein		1780	17q11.2-q21.31	D17S800-D17S791
2	erhöht	unbekannt		1637	5q32-q33.1	D5S470-D5S410
3	erhöht	unbekannt		619		
4	erhöht	Brachydanio rerio growth-associated protein		422		
5	erhöht	unbekannt	"trypsin"	1194		
6	erhöht	unbekannt		231		
7	erhöht	unbekannt		1776	Xp11.23-p21.1	DXS1201-DXS1039
8	erhöht	unbekannt		1242	19q13.2	D19S224-D19S421
9	erhöht	unbekannt		553	1q21.2-q22	D1S305-D1S2635
10	erhöht	Human PAC clone DJ515N1 from 22q11.2-q22		1246	22q12.3-q13.1	
11	erhöht	Rattus norvegicus 71 kDa component of rsec6/8 secretory complex p71		1721	14q22.3	WI-6414
12	erhöht	unbekannt	2x "EGF"	1074		
13	erhöht	unbekannt		194	13	D1S305-D1S2635
14	erhöht	unbekannt		218	5q32-q33.1	D5S1838
15	erhöht	S. pombe chromosome I cosmid c1B3		746	8q	D8S1836-qTel
16	erhöht	Human angiotensin-1 Homolog	"fibrinogen C"	2784	9q33.3-q34.11	D9S282-D9S260
17	erhöht	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87		806	X	DXS366 and DXS87
18	erhöht	S. cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610		1534		
19	erhöht	unbekannt	"vwc"	807		
20	erhöht	unbekannt		3389	4q28.1-q31.1	D4S1580-D4S427
21	erhöht	H. sapiens gene for spermidine/spermine N1-acetyltransferase		1919	Xp21.3-p22.11	
22	erhöht	Human MHC protein homologous to chicken B complex protein	"G-beta"	280		
23	erhöht	Human 1-8U gene		451		
24	erhöht	Human BTG1	"Anti_proliferat"	1011		
25	erhöht	H. sapiens mRNA for HLA-E heavy chain		302		
26	erhöht	Human ADP-ribosylation factor 1	"arf"	1931	1q41	SHGC-9863
27	erhöht	Human gas1		1464		

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
28	erhöht	Human cellular oncogene c-fos	"bZIP"	2103	14q23.3	D14s76
29	erhöht	Human apolipoprotein J	"Clusterin"	975	8p21.3-p21.2	D8S1089
30	erhöht	Human high density lipoprotein binding protein (HBP)	9x "KH-domain"	3061	2q37.3	SHGC-8022
32	erhöht	H.sapiens gene encoding ketohexokinase	"COILS", "COLLAGEN_REP"	2592		
33	erhöht	Human 80K-H protein (kinase C substrate)	"COILS"	884		
34	erhöht	Human Insulinoma gene	"S19"	493		
35	erhöht	H.sapiens CL 100 mRNA for protein tyrosine phosphatase	"Rhodanese", "DSPc"	913		
36	erhöht	Human alternatively spliced CUTL1	"COILS"	1917	7q22.1-q31.31	D7S658
37	erhöht	Human apM2 mRNA for GS2374		518		
38	erhöht	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog	2x "wap"	634	20q13.2-q13.13	
39	erhöht	Human prostaglandin D synthase	"lipocalin"	879	9q34.13-q34.3	D9S158
40	erhöht	Human breast epithelial antigen BA46	"EGF", 2x "F5_F8_type_C"	2015		
41	erhöht	Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1)	3x "zf-C2H2"	732	5q31.1	SHGC-11945
42	erhöht	Human GTP-binding protein (rhoA)	"ras"	691	3p21.1-p22.1	D3S3344
43	erhöht	Human triosephosphate isomerase mRNA		579		
44	erhöht	Human mRNA for phosphoinositide 3-kinase II beta subunit	"CK_II_beta"	968		
45	erhöht	Homo sapiens differentiation-dependent A4 protein		1175	Xp11.23-p22.11	
46	erhöht	Human interferon-inducible protein 9-27		851	11p15.3-p15.5	
47	erhöht	Human c-jun proto oncogene	"bZIP"	1049	1p32.1-p32.2	
48	erhöht	Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67		1375		
49	erhöht	Human mRNA for actin-binding protein (filamin)	4x "Filamin"	2443		
50	erhöht	H.sapiens mRNA for supt5h		2693		
51	erhöht	Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pi-1)	"gluts"	877	11q13.2-q13.4	
52	erhöht	Human CAPL protein		548	1q12	

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
53	erhöht	beta-tryptase	2x "trypsin"	1221		
54	erhöht	lymphocyte-specific protein 1=47 kda actin binding protein		252		
55	erhöht	Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH)		733		
56	erhöht	Human calyculin gene	"S_100", "efhand"	720		
57	erhöht	Human cathepsin D	"asp"	2124	11p15.5	
58	erhöht	DNA sequence coding for human glutathione peroxidase	"GSHPx"	928	3p21.31-p21.2	D3S3092;D3S337
59	erhöht	Human Csa-19	"Ribosomal_L1"	297		
60	erhöht	Human chondroitin/dermatan sulfate proteoglycan core protein	5x "LRR"	1837		
61	erhöht	Human heart mRNA for heat shock protein 90	2x "Ribosomal_L13e"	1346	11p12-q13.1	
62	erhöht	H.sapiens BBC1		251		
121	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 1		1939	17q11.2-q21.31	
122	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 3		1194		
123	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 6		560		
124	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 11		3770	14q22.3	WI-6414
125	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 16	"fibrinogen_C"	3541	9q33.3-q34.11	D9S282-D9S260
126	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 18		2050		
127	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 20		3968	4q28.1-q31.1	D4S1580-D4S427

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's Seq. ID. No.)
1	63
	64
	65
2	66
	67
	68
3	69
	70
	71
4	72
	73
	74
5	75
	76
	77
6	78
	79
	80
7	81
	82
8	83
	84
	85
9	86
	87
	88
10	89
	90
	91
11	92
	93
	94
12	95
	96
13	97

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.

Peptid-Sequenzen
(ORF's) .Seq. ID No.

13	98
	99
14	100
	101
	102
15	103
	104
	105
16	106
	107
17	108
	109
18	110
	111
19	112
	113
	114
20	115
	116
	117
121	131
	132
	133
122	134
	135
	136
123	137
	138
	139
124	140
	141
	142
125	143
	144
	145
126	146
	147

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.

127

**Peptid-Sequenzen
(ORF's) .Seq. ID No.**

148

149

150

151

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63-117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- 10 (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
15 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

- 20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Uterusnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 144

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- 25 (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
30 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctggggttac agccttaagc 60
5  caccaagccc cggccgacct tcttctattt ttccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
   gcgctcctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgccca tccctcacat gcatgtcgtt 180
   cccccccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tccctcggga cctctgcag 240
   atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggctca ttctgctctg tcttccccac 300
   tgccctcagtt tcccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
10  gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggtt ttgagtcccc 420
   cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgagcgg aatgacagca gctgggtggg 480
   tgggtggggg agaggctgag gggaaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcttgagg 540
   tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
   aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggg ggggtggcagc gggggccgct 660
15  cagttgctgt cgctcttgtc caccagcacg gcgtccgact cctcgggtgat ctccagcagc 720
   gcgtgcacgt cggggctgct cccgcgccgc aggtcgccgg cctccccccg ctccgcccac 780
   ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggtact tcttgacgtg 840
   gaagtgaaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttgagg cgcgctaca ccacgtggtc 900
   gggcgtgaag gatttgcgca acttgccccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
20  gggcaccagg cgcgtgcccga gcttgttcat gcgcttctcc aggggtgtgcc gcgtctctc1020
   caggttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccaggttc tcgcggttac gcaccttgg1080
   cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtcg tccacgcgcc gcaggcctg1140
   cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctct caacctccac cgcctcgtec1200
   gacgaaagct ccagcgcgcg tcggtcctcc tcgggcccgt cgccctcgcc cagctcctcg1260
25  ccctccttct atggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttgcc1320
   ggcagcttca cttcatcctg gtatgatcat actttaaagt tgcggcgcgc cagcagctcg1380
   gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg1440
   gtcttcacgt tgacgctgac cttgcccacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc1500
   gtgggtggcgt gcgccttgc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc1560
30  tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtea gctggatctg gtctacggcc1620
   ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc1680
   agctcttctg agccggcccc cgacggtccc tccgctgctt gagccccagc ggaggaagct1740
   ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcggccgc 1780

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

5   ggggagggac gagtatggaa ccoetgaaggt agcaagtcca ggcaactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atccccctcg gagggaagag gcaggaaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttaggccag gacttggccc tccagctcat ctgttccttc tgggccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10  gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt ctgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtgg gggctagtgt ggtttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggctct cctgtatttc tgggtcccct 720
15  ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatctcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggg 840
   gcccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gacttggctg gtagagcctt cttagaggtt agaatattag cttcaggatc agctgggggt 1020
20  atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttaccg ggggtgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggtggagg gagttaaagt cagtatgaa gatagggtg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgac cttagagggc tccttggggc tcaggaatgc tctgtctgct gtgaagatg 1260
   gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
25  ctgggtccct tgtagcacag gagactggg ctaagggcc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat tccccagagg 1440
   actagcagga ggcagcctg agaaaccggc agttccaag ccagcgctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtctct 1560
   cctcttgctt cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctg cattcatctg 1620
30  caaaaaaaaa aattttc 1637

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

55  cggctcgagg tgcccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgacct 60

```

```

cccagagaag aggcgggggc tgtacctcac agtccccccag tgcctctgga agaaaccagg120
gtccccctca gccaccctcg ccccaggggg tgggtgcagat gaccccggtg agctcggggc180
ttggtgcccgc ccacggcttt ggccctgggg tctggggggcc ccgctggggg ggaggcccaq240
gcagaacctt gcatggaccg tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga300
5  tgacggccca ggccctggtt ctctgcccag cgaagaggag tagctgcccg gccccacgag360
cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc420
aactgggtca gcctcccgtc aggagagaag ccgctctgtt gggacgaaga ccgggcaccc480
gccagagagg ggaaggtacc aggttgctc ctttcaggcc ccgctgtgtt acaggacact540
cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgccag caccgcccgc caatgtcacc600
10 ttcccagaag cgtcctgtg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

35 tcgtccaaaa catccggtat cccccaaagc cccagaccaa cctccgtcgc tttgcccctg 60
ggaacaccga ggccctcggc ttggtggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg120
aaactgaggc tcagagaggc gaagtaccta gcccaggcc acacagccag aatcttccac180
ttgactcaga tcaagaaagt caggaagcaa gacttccaga aagaggcaca gcacttccga240
40 ctgctcgtc gccccacga aggtcactgg aacgtcttcc tagcccagac cctggagctg300
aaggtcacgg ccagtcaga caaagtgacc aagacataac aaagacctaa cagttgcaga360
tatgagctgt ataattgttg ttattatata ttaataaata agaagttgca ttaccctcaa420
aa

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

15  cggtctgagg  tgeccctggg  aacccccaga  atcagagcct  cccatgcccg  tgggtgacc  60
    cccagagaag  aggggggggc  tgtacctcac  agtccccag  tgcctctgg  agaaaccag  120
    gtccccctca  gccaccctg  cccaggggg  tgggtcagat  gaccccggt  agctcgggc  180
    ttgggtgccg  ccacggctt  ggccctggg  tctggggcc  ccgctgggg  ggaggccag  240
    gcagaacct  gcatggacc  tgacttggg  cccgtcgtga  gcagaaagg  ccggggagga  300
20  tgacggcccc  ggccctggt  ctctgccag  cgaagaggag  tagctgccg  gccccacag  360
    cctccatccg  ttctggttc  ggtttctcc  agttttgcta  ccagccgag  ctgtgcggc  420
    aactgggtca  gcctcccgc  aggagagaag  ccgcgtctgt  gggacgaaga  ccgggcacc  480
    gccagagagg  ggaaggtacc  aggttgcgt  ctttcaggcc  ccgcgttgt  acaggacact  540
    cgctgggggc  cctgtgccct  tgccggcgc  aggttgcagc  caccgcggc  caatgtcacc  600
25  ttcactcaca  gtctgagtt  ttgtccgct  gtcacgcct  caccaccct  cccttcagc  660
    caccaccctt  tccgttccg  tcgggcctt  ccagaagcgt  cctgtgact  tgggagaggt  720
    gacacctcac  taaggggccc  acccatgga  gtaacgcgc  cggccccgat  gcgaatcagg  780
    cctccccac  atctggggc  gttggccgc  agattccat  tgacacctt  gttcgtgtg  840
    cttttaaat  caggttaaat  gttgcaata  tctgatgcag  aagactcag  ttctcaagg  900
30  agagggagg  ggcggacgga  ataaatagta  acttatttaa  gaaatgcact  tggattcctg  960
    ccatcagtca  ggggcggga  agggagtacc  atccgcagat  ggggtcagca  ggcacttggc  1020
    cagcaggaca  caggagacta  gcagaaggaa  gaggccggg  aggaagaagc  cagccaggag  1080
    ggggagcctg  ggtaccag  actctgagcc  ccctgatgcg  gtgatgtgg  ggcgatcca  1140
35  gttcacgtag  gcagggacac  gagtgtagac  tccccgcct  gttggggcgg  tcgc  1194

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

5 gcctgatgag agccacttgg gttaagaaac tacctgtgaa tagtcatcat ttctgtcctt 60
 cattggggaa tacttttaga ggccagtttc caaaaattct gcttaaaaaa gaattctggt120
 tttgtcttac tcttcagat gagatatcac agaggcttgg gcctagattg tcatcagcat180
 actgctatac tattcgtttg ttcttattaa gccttattgt gtgtaatgct g 231

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

35 cggcaggcag ccatcttgcc tggagcctga gaaagggagg agagacagaa ggaaccggcg 60
 acagtggctc cagggccgct ccggggggcc tcaagaaccg gaggcagccc cggaggctgc 120
 cgcgggcgga cacgccagag gaggaggccg gggaatggcc gcggtgtggc agcaagtctt 180
 agcagtggac gcgaggtaca acgcgtaccg cacaccaacg tttccacagt ttccgacgca 240
 gtatatccgc cggcgcacca gctgctgctg gagaatgcca aggctgggca cccccagcg 300
 ctgctcggc agtacctgag gcttcggggg cagctgctgg gccagcgtta cgggcccctc 360
 40 tccgagccag gcagtgctcg tgctatagc aacagcatcg tccgcagtag ccgcaactact 420
 cttgaccgca tggaggactt tgaggatgat cctcgggccc tgggggcccg tgggcaccgt 480
 cgttctgtca gcagaggctc ctaccagctg caggcgcaga tgaaccgtgc cgtctatgag 540
 gacaggcccc ctggcagcgt ggtgccacg tcagcagcag aggcaagtgc ggccatggcc 600
 ggggacacgt cactgagcga gaactatgcc tttgcgggca tgtatcatgt ttttgaccag 660
 45 cacgtggatg aggcagtccc aagggtgctc ttcgccaatg atgaccgaca ccgcctggcc 720
 tgctgctcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgctgcccc acccacagtg 780
 cttcgcgtgc tacggggcca caccctggtt gtctccgact tcgctggtc cctctccaat 840
 gacatcctcg tgtccacctc actggatgcc accatgcgca tctgggccc tgaggatggt 900
 cgctgcatcc gagagatccc tgaccctgat agcgtgaac tgctctgctg caccttccag 960
 50 cctgtcaaca acaacctcac tgtggtggg aacgccaagc acaacgtgca tgtccttgct1080
 atctccacag gcaagaaagt gaaggggggc tccagcaagc tgacaggccg tgccttgct1080
 ctgtcctttg atgcccctgg ccggtgctc tgggcggtg atgaccgtgg cagtgtcttcl140
 tctttcctct ttgatattgg cacaggaag ctgaccaaaag ccaagcgttt ggtggtgcat1200
 gaggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cggctctggg tcagccgcca ggcccgggat1260
 55 ccctcactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagttgctgc tctacaggtt ggtagacaac1320

5 gaggggaccc tgcagctgaa gagaagcttc cccatcgagc agagctcaca tcctgtgcgcl380
 agatcttctg tccccctcatg tccttccgcc agggggcctg cgtggtgacg ggcagtgagg1440
 acatgtgctg gcacttcttt gatgtggagc gggcgccaa ggctgctgtc aacaagctgc1500
 agggccacag tgcacctgtg cttgatgtca gcttcaactg cgacgagagc ctactggcct1560
 ccagtgacgc cagcggcatg gtcacgtct ggaggcggga gcagaagtag ggtcctgtcgl620
 gccctgctgc tgtcctccat cccacccctc ttactccagc ctctgtgtgt aaataaagtt1680
 tcggtggtca tgctgagggc cggtcccag ctctgccggg gacggacagc gcagagggca1740
 gcgggcagct ccaggaacac ggtgaaaaaa aaaaaa 1776

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1242 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

35 ccccgacaa ggccgagtac tgcaatcccc catggcgcca atacagggcc ctgaacgcct 60
 tgccccgtgc ccttgaatta aagtccttct tcaacgcctt tgtatggcga gaagcgaact 120
 ttgagccccc agagacctga cccaacacc cgcagggcct ccaggagggg cctgggcagc 180
 cccacagtcc catcctcca ctctgtatct atgcaaagca ctctctgcag tcctccgggg 240
 tgggtgggtg ggcagggagg ggctggggca ggctctctcc tctctctctt tgtgggttg 300
 ccaggaggtt cccccacca ggttggggag acttggggcc agcgttctg gtctggtaa 360
 40 tatgtatgat gtgtgtgct ttttaacca aggaggggag agtggattcc cacagcaca 420
 ccggtccctt ccatgccctg ggatgcctca ccacaccag gtctcttctt ttgtctgag 480
 gtccttcaa ggctcccca atccaggcca aagccccatg tgcttgtcc aggaactgcc 540
 tgggcatgc gaggggccag cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggaccacc 600
 agccctctc cctctctgc tccagactca cttgccattg ccaggagatg gccccacaa 660
 45 gcaccccgct tttgcagcag aggagctgag ttggcagacc gggccccct gaaccgcacc 720
 ccateccacc agccccggc ttgctttgtc tggcctcagc tgtctcagat tttctaagaa 780
 ccaaaaaaaaa aaaaaggaaa aaaaacacaa aacaacaaaa accaaaaaaaa aaaaaaatca 840
 caaaaacaaa aaaactataa aaaagaaaga ataaaaact ttcagagaat tactatttac 900
 tttattaact tacggattta ttatataaat atatattcac cttagcaacat atctctgccg 960
 50 tctctcctgc tctcataatg aagacatagc cgattctctg cccgggcccc ttgctgatgc1020
 tcctccgggt ctgctcgagg cgtgggtctc tggggaccct ccagaggtgg aggtgggctg1080
 atggcctggc tgcttgggtg ttgatggttt tgctccccct acctttttt tttgagttta1140
 ttctgattga tttttttct tggtttctgg ataaaccacc ctctggggac aggataataa1200
 aacatgtaat atttttaaga aggaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 553 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

aagcgctgac gcatgcgcat agctaaccgc acccggttca gctcgccttt cttggccaga 60
ggcgccggtt ggactcacgg gcggggcatg atggtggtgg gtacgggcac ctcgctggcg120
ctctctccc tctgtccct gctgctcttt gctgggatgc agatgtacag ccgtcagctg180
gctccaacg agtggctcac catccagggc ggctgcttg gttcgggtct cttcgtgttc240
tcgctcactg ctttcaataa tctggagaat cttgtctttg gcaaaggatt ccaagcaaag300
atcttccctg agattctct gtgcctctct ttggctctct ttgcatctgg cctcatccac360
cgagtctgtg tcaccacctg cttcatcttc tccatggttg gtctgtacta catcaacaag420
atctcctcca ccctgtacca ggcagcagct ccagtcctca caccagccaa ggtcacaggc480
aagagcaaga agagaaactg accctgaatg ttcaataaag ttgattcttt gtaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa aaa

```

553

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

5
gaaaaacagc tcgcgctgca caaagataga cggggagctc ccccaggctc ctctgtgctt 60
tactaagatg gcctcagtct ccactgtggg cttgagtggc atacactggt attcatggtt 120
aaggtaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatataat ttagttttta aaatatttgg 180
10 gatggaactc cctactgacc tctgagaact ggaaacgagt ttgtacagaa gtcagaactt 240
tgggttggga atgagatcta ggttgtggct gctgggatgc ttcagcttgc tggcaatgat 300
gtgccttgac aaccgtgggc caggcctggg cccagggact cttcctgttt cataaggaaa 360
ggaagaattg cactgagcat tccacttagg aagaggatag agaaggatct gctccgctt 420
tggccacagg agcagaggca gacctggat gccccagttt ctcttcaggg atggatagt 480
acctgtcttc attttgaca ggtaagagag tagttagcta acctatgga attatactgt 540
15 ggggccttgt gagctgcttc taagaggcta acctggaaac taagctcaga ggcaaggtaa 600
taaagcactt cagggttgc tccccagtg ggcctgatt agcaggtgtt cctgcgggcg 660
tccaggtcag caccttcctg tagggcactg gggctagggt cacagccct aactcataaa 720
gcaatcaaag aaccattaga aagggtcat taagccttt ggacacagga cccagagag 780
gaaaaagtga cttgccccag gtcgtaagca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
20 tgacggagcg caacatttct ccactgcact gtgctagcag ctgagcaggg cctctaacct 900
gtgatgtcac actcaagagg ccttggcagc tcttagccat agagcttct tccagaacc 960
cttccactgc ccaatgtgga gacaggggtt agtggggctt tctatggagc catctgcttt 1020
ggggacctag acctcaggtg gtctcttggg gttagtgatg ctggagaaga gaatattact 1080
ggtttctact tttctataaa ggcatttctc tatatacatg ttttatatac ctctattctga 1140
25 cacctgcata tagtgtggga aattgctctg catttgactt aattaaaaaa aaaaaaaaaag 1200
acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

cgacaatatt cctacagttg tatgggtggc atgttgcaa tttgtgatgt agccgaatat 60
aggaagtgtg ccaaagactt caagattcca atggattac atcttttga tactctgcat 120
gctctttgca atcttctggg agttgcccc gataatttaa agcaagtctg ctcaggagaa 180
55 caacttgcta atctggacaa gaatatactt cactccttcg tacaacttcg tgctgattat 240


```

agatctgccc gccttgctcg acacttcagc tgagattgaa tttacaaagg aattcagtg 300
cagttccttt acagaggaat gtcttatact tcagcagccc tcggttgata gaaagcacag 360
gagatacctt atgacacagc caacatthttg tgaacaatg actggaacaa aacagcagcc 420
atacttacct ttgaggtttt atthaaagt ttgataccac tagctatatt ttgctthttt 480
5 cccctcacat tgaattthaa ttccattctt gaatgtagaa atthcagatt ctctaaaact 540
acatgtcact gthtttatcc tagaaaatgt tgctgtcaga aggcaaagga aatgttacca 600
gtgtthttcg ttctgtact thtaacatat tccatttaga aatthtgcca thctgtthtc 660
cattaataat agtgaaata caggaaaact acatthgtta thctcagtt thtaatgacc 720
thttcagcat caatthttaa tcagattatt thaggthttc gtaaaataatt thtttgcttc 780
10 thtcaaaagg thacaatta agcatactth ctgcagthtg thgattggat thttthctga 840
ggtacagcat taactagat ccaaaaaatg tcataaactg aactaaaatg atgaactatt 900
thtgtagac attagagtg gatcggaata ctctgctth ctgggtaaaa ctthaaaact 960
tactatthct thttggttaa atagatthta agccaatth agtaagaaat thaaaaaact 1020
acctththtt thattthcact taaggtggag gacctthact aaaggacat atthattcat 1080
15 thththtaata thataaggga agtaaaaaaa agtgaggtat agtctaaatg thgcatatag 1140
gaaatactga cagtgtthtag caacatgcag cctthtgaga thctgtcctg aatgctaaac 1200
thgaataaga tggaatggct gaacatgtgg thagtcttht atthtaagaa gaatthgaga 1260
thgatagatt thgagatgag ctthgcaaag gctgthtgct thctatgctc ataggtctgt 1320
ctthgtcctt thtcaaagca thctggaagt thctctact tggatagat thaatggaatt 1380
20 ggctthattt gatgacataa thaatcactt ataaaattht aaatatcaag thaaaattht 1440
gaaaggccat tactatthta thaaacttht aaactthgctc thgggagaatg cactthaaat 1500
tatataatg thttcagctc ccattgtggg thctatagtc thctaggaac agataaacct 1560
aagtatthca thcactcttg ggcattthgt cccggaggcc cctctththt gccgatttht 1620
gggaaaacct gctthcttc tgaggaacct thctctggaa thgtcatccac thtaccctaa 1680
25 ccgttctaag gthccagagg taaccgaggt actggtthtag g 1721
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1074 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12
- ```

cgagcgttc ctcaccacct gcgacgggca ccgggcctgc agcacctacc gaaccatcta 60
taggaccgcc taccgccgca gccctgggct ggccccctgc aggcctcgtc acgcgtgctg 120
ccccggctgg aagaggacca gcgggcttcc tggggcctgt ggagcagcaa tatgccagcc 180
gccatgccgg aacggaggga gctgtgtcca gcctggccgc tgccgctgcc ctgcaggatg 240
55 gcgggggtgac acttgccagt cagatgtgga tgaatgcagt gctaggaggg gcggctgtcc 300
ccagcgtgc gtcaacaccg ccggcagtha ctggtgccag thgtggaggg ggcacagcct 360
gtctgcagac ggtacactct gtgtgcccaa gggagggcc cccagggtgg ccccaacc 420

```

```

gacaggagtg gacagtgcaa tgaaggaaga agtgcagagg ctgcagtcca gggtaggacct 480
gctggaggag aagctgcagc tggtagctggc cccactgcac agcctggcct cgcaggcact 540
ggagcatggg ctcccggacc ccggcagcct cctgggtgcac tccttccagc agctcggccg 600
catcgactcc ctgagcgagc agatttcctt cctggaggag cagctggggg cctgctcctg 660
5 caagaaagac tctgtactgc ccagcgcccc aggtctggact gagcccctca cgcggccctg 720
cagcccccat gcccctgccc aacatgctgg gggtagcagaa gccacctcgg ggtgactgag 780
cggaaggcca ggcagggcct tctctctctt cctctctccc ttctctggga ggtctcccag 840
accctggcat gggatgggct gggatcttct ctgtgaatcc acccctggct acccccacc 900
tggctacccc aacggcatcc caaggccagg tgggacctca gctgagggaa ggtacgagct 960
10 cctgtctgga gctctggacc catggcacag gccaggcagc ccggaggctg ggtggggcct 1020
cagtggggct gctgcctgac cccagcaca ataaaaatga aacgtgaaaa aaaa 1074

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 194 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gttcagctcg cgtttgttg ccagaagagc cggtagggct caggggagg gcatgatggt 60
ggtagggtag ggcacctcgc tggcgtctc ctccctcctg tcctgtctgc tctttgctgg 120
gatcggggg tgccggccgc cgttgccctc ccgggggtg ctgccctcc ggggaggcct 180
40 gcttggttcg ggtc 194

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

cttgggtacg tgagcagggg gttaagttag ggtctgcctg tatttctggt ccccttgga 60
atgtcccctt cttcagtgtc agagctcagt gccagtgtgc atatggtgcc cagaggagta120
gacattgtgc tgccccagcc ctgccccagt gcgctctgag ctgactagt cctggggcccc180
15 agtgacctgg gggagcctgg ctgcaggccc tcaactggt
218

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

40 gccgagtcgc tgaccgagcg caccocgccc ccggcgccat cttcccgacc gcgagccgtc 60
caggtctcag tgctgtgcc ccccagagc ctagaggatg tttcatggga tcccageccac120
gccgggcata ggagcccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtacaa180
45 gaacgccccg gagagggaga agtacgacaa catggcagag ctgtttgcgg tggatgaagac240
aatgcaagcc ctggagaagg cctacatcaa ggactgtgtc tccccagcg agtacactgc300
agcctgtcc cggctcctgg tccaatacaa agctgccttc aggcaggtcc agggctcaga360
aatcagctct attgacgaat tctgccgcaa gttccgcctg gactgcccgc tggccatgga420
gcggatcaag gaggaccggc ccatcaccat caaggacgac aagggaacc tcaaccgctg480
catcgagac gtggtctcgc tcttcatcac ggtcatggac aagctgcgcc tggagattcc540
50 gcgcatgga tgagatccag cccgacctgc gagagctgat ggagaccatg caccgcatga600
gccacctccc acccgacttt gagggccgcc agacggtcag ccagtggctg cagaccctga660
gcggcatgtc ggctcagat gagctggacg actcacaggt gcggcagatg ctgttcgacg720
tggagtcagc tacaagctt aacgct
746

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2784 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

25 cagagctggt ggaggtggag gtcagtattg tgagcggaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
 gccgcaacat gaactcgcgg gtcacgcagc tctacatgca gctcctgcac gagatcatcc 120
 gcaagcggga caacgcggtt gagctctccc agctggagaa caggatcctg aaccagacag 180
 ccgacatgct gcagctggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagtac cagcacctgg 240
 ccacactggc ccacaaccaa tcagagatca tcgctcagtt gaggagcact gccagagggt 300
30 gccctcggcc aggcccgctc cccagcccacc ccccgcctgcc ccgccccggg tctaccaacc 360
 acccacctac aaccgcatca tcaaccagat ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
 cctgaaggtg ctgccacccc ctctgcccac tatgcccact ctcaccagcc tcccattctc 480
 caccgacaag ccgtcgggcc catggagaga gccctggcag gccctggagg atggccacga 540
 caccagctcc atctacctgg tgaagccgga gaacaccaac cgccctatgc aggtgtggtg 600
35 cgaccagaga cacgaccccg ggggctggac cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
 taacttcttc aggaactggg agacgtacaa gcaaggggtt ggaacattg acggcgaata 720
 ctggctgggc ctggagaaca ttactggct gacgaaccaa ggcaactaca aactcctggt 780
 gaccatggag gactggtccg gccgcaaagt ctttgacaaa tacgccagt tccgcctgga 840
 acctgagagc gactattata agctgcggct ggggcgctac catggcaatg cgggtgactc 900
40 ctttacctgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agagatcatg atgtctacac 960
 aggaaactgt gcccactacc agaagggagg ctggtggtat aacgcctgtg cccactccaa1020
 cctcaacggg gtctgtacc gccggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtcta1080
 ctgggctgag ttccgaggag gctcttactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc1140
 gaaccccaac accttccact aagccagctc cccctcctga cctctcgtgg ccattgccag1200
45 gagcccacc tggtcacgct ggccacagca caaagaacaa ctctcacca gttcatcctg1260
 aggcctggag gaccgggatg ctggattctg ttttccgaag tcaactgacg ggatgatgga1320
 actgaatcga tacggtggtt tctgtccctc ctactttcct tcacaccaga cagcccctca1380
 tgtctccagg acaggacagg actacagaca actctttctt taataaatt aagtctctac1440
 aataaaaaa caactgcaaa gtaccttcat aatatacatg tgtatgagcc tcccttgtgc1500
50 acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatataca tcacatgtga tatactaga1560
 tccatatata ggtttgctt agatacctaa atacacatat attcagttct cagatgttga1620
 agctgtcacc agcagctttg ctcttaggag aaaagcattt cattagtgtt gtattacttg1680
 agtctaaggg tagatcacag actgtgtggt ctcaactgaa aggatcacc ttggcatctg1740
 tgtgcctgga ttcttccaga atgtctacaa gtctaattct tcacatagag gttcccagct1800
55 tcttaagaac cccttttggc acctaatcaa atttcaaaat ccctcccccc acattttcat1860
 acttttcccc attctcagga cttttcacca tccatcacc acttatccct tcatttgaca1920
 ccattcatta agtgccttct gtgtgtcagt ccctggccac tcaactgcag tcaagcccc1980

```

```

ctttccgctc tgctgtactc ctgcctacc tactccttgc cttttctgtc gcacagcccc2040
ttctttccag gcgagattcc tcagcttctg agtaggaaac actccgggct ccaggtttct2100
ggttgggaag ggaaggccag gccaaaagct ccaccggccg tatagataat gtactcgag2160
ttttgtatct tccattcata ctttaaccta caggtcattt gagtcttcac acaataata2220
5 acctatctgg ccaggagaat tatctcagaa cagaagtcac cagatcatca gagccccag2280
atggctacag accagagatt ccacgctctc aggctgacta gagtccgcat ctcatctcca2340
aactacactt ccctggagaa caagtgccac aaaaatgaaa acaggccact tctcaggagt2400
tgaataatca ggggtcaccg gacccttgg ttgatgcact gcagcatggt ggctttctga2460
gtcctgttgg ccaccaagtg tcagcctcag cactcccggg actattgcca agaaggggca2520
10 agggatgagt caagaagggt agacccttcc cgggtggcac gtgggcccagg ctgtgtgaga2580
tgttggatgt ttggtactgt ccattgtctg gtgtgtgcct attacctcag ctttctcac2640
aaagtgtacc atgtagcatg tttgtgtat ataaaagga gggttttttt aaaaatatat2700
tcccagatta tccttghtaat gacacgaatc tgcaataaaa gccatcagtg ctatttggat2760
gtatctaaaa aaaaaaaaaa aaaa 2784

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 806 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

40 agcaaacag gagaggagga aagatcagag agagagggaa aaccagagat agagggaaaag 60
ccagagagtg aaggagagcc agggagtgaa acaagggctg caggaaagcg cccagctgag120
gatgatgtac ccaggaaaagc caaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctcaag180
gagtataaag aggccataca tgatatgaat ttcagcaatg aggacatgat aagagaattt240
45 gacaatatgg ctaaggtgca ggatgagaag agaaaaagca aacagaaatt gggggcgttt300
ttgtggatgc aaagaaattt acaggacccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg360
ggtggctgca gggccccacg aaggacatt gaagacattc cttatgtgta gtgtccctgg420
caggcattta ccaggccatg tgctttaaag ttacggtaat actttacttt aggcattcct480
cctgttgcta gcagcctttt gacctatctg caatgcagtg ttctcagtag gaaatgttca540
tctgtttacat ggaaaaaatg ttgatgggtc attgtaaaaat taaaaaacac aacttgaga600
50 accaaatata tggcatcagt acatttttgc aaaactaaa agatacttac ctagtaatat660
agtatagaaa acaattctga aagctgtgtc cactaaaaga ttaacagtgg ttatctctgg720
gtgaattttt cgggttcctt tttggttcat ctgtccagtt ttccccaaa acagagttcc780
ttagtcgtaa aatattaaat ttgaag 806

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1534 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

tacctttgac aagatggcgg caggaggcag tggcgttggt ggaagcgca gtcgaaaagc 60
gatgccgatt ctggtttcct ggggctgcgg cccacttcgg tggacccagc gctgaggcgg 120
25 cggcggcgag gcccaagaaa taagaagcgg ggctggcggc ggcttgctca ggagccgctg 180
gggctggagg ttgaccagtt cctggaagac gtgcggtac aggagcgcac gagcgggtgc 240
ttgttgtcag aggccccaaa tgaaaaactc ttcttcgtgg aactggctc caaggaaaaa 300
gggctgacaa agaagagaac caaagtccag aagaagtcac tgcttctcaa gaaaccctt 360
cgggttgacc tcattcctcga gaacacatcc aaagtcctg ccccaaaga cgtcctcgcc 420
30 caccaggctc ccaacgcaa gaagctcagg cgaaggagc agctatggga gaagctggcc 480
aagcagggcg agctgccccg ggaggtgcgc agggcccagg cccggctcct caacccttct 540
gcaacaaggg ccaagcccgg gcccaggac accgtagagc ggcccttcta cgacctctgg 600
gcctcagaca accccctgga caggccgttg gttggccagg atgagtttt cctggagcag 660
accaagaaga aaggagtga gcgccagca cgctgcaca ccaagccgct ccaggcggcc 720
35 gccgtggagg tggcgctgc cggagcttcc tacaatccat cctttgaaga ccaccagacc 780
ctgctctcag cggcccacga ggtggagttg cagcggcaga aggaggcggg gaagctggag 840
cggcagtgcc cctgcccggc acggagcagg ccgccacca ggagtcacac ttccaggagc 900
tgtgcgagg gctgctggag gactcggatg gtgaggggga gccaggccag ggcgaggggc 960
cggaggtggg gatgccgagg tctgtcccac gccgcccgc ctggccacca cagagaagaal1020
40 gacggagcag cagcggcggc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcggttac agcaggccgc1080
gttgcggggc gcccggtcc ggcaccagga gctgttccgg ctgcgcgga tcaaggccal140
ggtggccctg aggtggcgg gactggcgc gcggcggagg cggcggcagg cgcggcggga1200
ggctgaggct gacaagcccc gaaggctgg acggctcaag taccaggcac ctgacatcgal260
cgtgcagctg agctcggagc tgacagactc gctcaggacc ctgaagcccc agggcaacat1320
45 ccttcgagac cggttcaaga gcttcagag gaggaatag atcagacctc gagagagagc1380
caagttcaaa cgcaagtaca aggtgaagct ggtggagaag cgggcgttcc gtgagatcca1440
gttgtagctg ccatcagatg ccggagactc gcccttcaat aaaaaatctc ttctagtcal500
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aata
1534

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

20 tttgagggta atgcaacttc ttatttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60
 atctgcaact gttaggctct tgttatgtct tggtcacttt gtctggactg gccgtgacct120
 tcagctccag ggtctgggct aggaagacgt tccagtgacc ttcgtggggg ccagcgagca180
 gtcggaagtg ctgtgectct ttctggaagt cttgcttctt gactttcttg atctgagtca240
 agtggaaagt tccttttacc agcttccaga ggtggatctc caccaagtcc gaggcctcgt300
 gttccagggc aaagcgacgc aggttgtctg ggcctttggg gataccgatg tgtggacgag360
 gacccggccc ggtgccttgg gacacctggt agaactgatc tcaactgtggc cagggctctgc420
25 tttgtcctct gggcaaatct tgcagcactt cccagccact ttctcggggg gacggcaggg480
 gtactcgggt ggacaggtca cacgctggca gtccctggcg ccatacctcac aggtgcatag540
 gatgcagggc aaggggccga aggcacggaa ggccgggtgc cacacctccc cgtgggagta600
 cgtcttccc ccatgcacac aggtttctt atgtttctcc ttcaggacga tcttgacagt660
 tgtgtgcct gctcccttgg gtctgaagtg gcgagggata aagctcagag ggcgctgag720
30 gccagtgggg gctggggtcg accgggcctc tctttctccc aggatggatg ggaacagga780
 tgctgagggt gtctaagccg gtgggag 807

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

5 ctcccacaac aatttcattg ttgtagcat atctatttct ccatacattg taaaactgta 60
 atccttaggt atttctaaaa cataaagagg agaattaagt cagctgcaga acaatggggc 120
 tgattcttct gctttttctc tggaaaatct ttcattgctt ttggtggaaa tttacctaga 180
 ggttacaacc acaggatgta gcttggctct tttttgcct ttttgggaaa ccaattaaga 240
 ttaatacagg ataaaggaaa aaagcaatct attcattata taacacagtt gtttgtatta 300
 cttgttccct gcaaaggaaa tctgttgaat gcttgcattt tgaattcttt tctaatagaa 360
10 caaccaaaaa aggcttctta tggtagcagc ggaaaaaaga tcatttttat agctttgcat 420
 tcttaacata gcatttaaag agcggcatga attagaggaa agacatggaa cacacaggta 480
 gtcggtttga gatcatcggc ttaaaagtat cctaggatgg taatgacca gaagtatttc 540
 cagttgtcta gtggtgtggt atgcaggaat gagaagtgtt ttctttccat ttctgttgg 600
 acagtgggca atccttagcag agccactatt tggagttgat aactaaagat gcaaataaca 660
15 tgactatgcc ttctggtcac cctaggacta ttggagttc tccaaaacct tgtaagaggc 720
 atgtcaggca tgcagtaaaa gcatctacaa cttcagctgg gcaactggcag cataggtctc 780
 atcttgacc atacagtcac actttataga agaggggtgga agttctccaa aacaatatcc 840
 acaacaaagt ctgacctcac tctgagggag atgggaagtg ggaggaagaa ggactaacca 900
 gctccctgga gtaagaggaa tttgctttcc ctgtctgccc accaggggct atatgtgcca 960
20 cctttcaggt tggggccaag gaagtgatgt cagtgtagca gaagggagag ttagacctcc1020
 agacgtcagc ctccctccca tggggtacat ttcaatctg agtggtgttg ccttagctgt1080
 gttggtatta gcttgattgg ttggtccgct gggtatgagg tgtagggagg cagttttgt1140
 ttagttttta ggactttgcc tcttcccttg tccttagcat aatttctagg cagagcatcc1200
 acgaagtcgg ttttcattgc cagctcaaga ggcacaatca tttacgagtt cctatgttat1260
25 gttaggtgcc ttatgtatat tatcccaaat ccaactgcat gtttaatac aggcactggal320
 atataaatga aaaaggatca tacagtcact gactttctgc aggaccttaa acatttctct1380
 ttccacaagt tccccttaa tcatgtgtca acctctctt cctgacggga atggtgtgt1440
 ataataaatc tgcataacgc ttgggattct aggaggaagg aaggttccat ggcaatgaa1500
 gtacagcata tcccctcag tcttctagga gggcagagtg aatcccagaa ctggtaat1560
30 tgggaatctg agcattgcca ctttaatctt agaataatca tcattttgac acatcctgtt1620
 ttttagagag gaaaacaaac acagtttctg cattggtagt gtaaagcata ccttgttagg1680
 aacgtgtttt gtaagacaca tttgggttgt cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
 aaaatatatt tagtatgatt gttagtggta acatatatca aggctttgaa ttaactgttt1800
 tatttaattt tacaagaag cacttatttt agccatagga aaaccaatct gagtacaal1860
35 tagttcttta aaataagccc aggttattta gctattctag aaagtgcaga cttctttcaa1920
 gaagcaggca ttgtaggaca gctgagaatt atcacatagc ctaaattcta gcctggcagc1980
 aagagtcaca tctgagatgt ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa cacctgatct acattgaaag2040
 ggggtagact aacgtatgtg agaccatttt cctatttgca gttacaaggt taagaactt2100
 tgaaggtcat tgggtgcta agagggcatgt cgaacactct gtgtggctct ttcacagtaa2160
40 accctcttaa ggcagaaga cacatggctg ttaggtctg cgtttagatt taatttctca2220
 aataaaggcc cttggctgctg tatcatttca ttaggttata aactagggct cctgcaagcc2280
 cccccattct aaggggtgaat tattgaaatc agttgctatt tgatgagtca caactggccc2340
 agcaggcagg gcatttgaag tcatggctcat caaaaagaaa tgattgtttt ttgaaaagct2400
 aaatgcttaa aatgcttcta gaggggaagtc gtggggcgtg tgctcattct ctttaaaatc2460
45 agggttggtg agtttgtttt taaacatttt tataagttca tgagaaaaaa tataataaatt2520
 ctaagaacca acactgtatt cccagaaaca tgaccctcgc tggctctggg tccacatatc2580
 attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacactttg gtgttgccga gttagtcaac2640
 aattattctg ggaaaaagca gaattgaatt ctctctaga tgtcctacca gggttgcca2700
 agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgctct2760
50 aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtacaa aaatgacagg2820
 tcatcctatg agcgtcatgc caatgaaacc ccatcttctg gagaagccct tgaatcagaa2880
 ttatcttttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagtttct taattttttt aaaaactgta2940
 gtttctgtg gtagtataat ttgtacacct aactacctgg cacttggaat tcacagcact3000
 actcagaggc aattgataaa agagaaatth aattttaaata atcaagtcct gtcaaacatt3060
55 tctcaaaact ctgattttat caaaggtttg ccagccaata aagtgcatcc caagtataca3120
 ggggagaaag ctgactcct acagggctct agagttaaag taattttttt gttat taata3180
 taggtaataa tttttctaatt ttttattttt tggttccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
 cctctgttta tgtcattctt gacatgttta tctaaattat gtgtgctctg tgacaggtga3300
 aatgtaaact tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctacttccca gcctaccttt3360
60 cttcctctac ctgataatga taatactca 3389

```



(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1919 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

25 caccgcctcc ccgggagacc gattgcgga cccaccttcc tcctactgtt caagtaccag 60
 ggggccctgg tcccgcgaaag ggaagaaaa gcaaaaagac cgaaaatggc taaattcggg 120
 gatccgccca gccactgccg ccgactgcag tgacatactg cggctgatca aggagctggc 180
 ttaaataatga atacatggaa gaacaagtaa tcttaactga aaaagatctg ctagaagatg 240
30 gttttggaga gcacccttt taccactgcc tggttgcaga agtgcggaaa gagcactgga 300
 ctccggaagg taaccctctg ccctttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaagaa 360
 gtagtgctcg ctgtgtagaa ccactgacta cacaggccga agttactgag aacttgaca 420
 gaaaaaatag ccagcaagtg ttcaaacctac tgaggaaaaa aaaaaattag atatgctgca 480
 cttaagaata ctagggcagg ttaaaagagc tgtttaagta agtatcagag tgctgtggag 540
 actcgggaagt gttaagctg cttaagtaag tataagtgtc gtggagacc cccaagagtt 600
35 gatataatgt catttggtgt taaatcacat tttttcttt cataaaatgg ttcttggttg accctaaccg 660
 aacagttttt gtaattgtgt taaatcacat tttttcttt aatttgctcc aatcttcagg 720
 ttacagtctc tagcttcgcc atgtacatgg cccttcctg tacatggatg ggcggggagg 780
 taactaaaag atcctttaca caataaagta gatgatcatg ataaatgagg taaggctcta 840
 ttatcacaca cttcaaacac ggtagatcag aaaccacta tgatactcgc ttctgtctg 900
40 tttgctaagg aatataaaat ggctagaaag ttaatttga aacctttgcc tccatttggg 960
 atagtagaca ccagttaaga ggtgtcaga tgccttttt tggctgggcc ctggtgattg 1020
 gtcagaagac agctcagcta aaaggggaag ttgtctggg ggttgcttt tttctgacgt 1080
 ctgttcctca ggctggaaga aatgagcaga aaacaaggga tgagtacttt ttagagtatg 1140
 tgcatgttac gtaatacctg tttctgggca atgctgctt ttctgactca acaaatgggg 1200
45 agagcaaat gaaaatgctg aaattggaag gcaagttctg aaattaaacg ttgtactttg 1260
 gcctgatgtt ctgaccttta aggaagcaag agtttgtaa cttccaaata tttactatct 1320
 tgaactgccg tgtaaacctg acgtattccc aagtcaacat accagtatac caataggatg 1380
 tgaataatgt gtgtgttgag tttaaaacca tagcagtttt gctctggcaa gtaatgaaag 1440
 cgttctcgct tcctgagtg gagctccagc agctgcaga gtggccagtc cacagttgt 1500
50 gcctgacttc agtgagttct gatgtgtgct ttttgcaaat acatgttctc agaacagtga 1560
 gatcatccag cagtggcctg gactgcactc acataaaaaat catgagacag ccatggctac 1620
 ttgtttctgt aatacatgca tgtgtgtttt ttaaaaccta tgataggcct ctgattctgc 1680
 agctgcaact tttatggaat gttttccttc tccacatctc atgtgatgct cttattacag 1740
 gacacagcat tgttggtttt gccatgtact attttaccta tgaccctggg attggcaagt 1800
55 tattgtatct tgaggacttc ttcgtgatga gtgatataga gcttgcaaa gatcagaaat 1860
 ctgaagaatc taagccagtt gcaatgagtg tcgctgcaac aacgtgcact cctgggagg 1919

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

cccacgcgtc cgcccacgcg tccgaaaacc atcaaggat ggaataccct ggggtgtgtgc 60
aaatacactg tccaggatga gagccactca gagtgggtgt cttgtgtccg cttctcgccc120
aacagcagca accctatcat cgtctcctgt ggctgggaca agctgggtcaa ggtatggaac180
ctggctaact gcaagctgaa gaccaaccac attggccaca caggctatct gaacacgggtg240
actgtgtgtg cagatggatc ctgtgtggtt tggggggagg 280

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 451 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

5 tcaaattccg aagcgaaaac ttcgtgcccc aacaatgtcc tctggtcctt gttaaacacc 60
 ctcttcaatg aacccccctgc tgcctgggct ttcaataaga attcgcctac tccgtggaag120
 tctagggaca ggaagatggg tggcgacgtg accggggccc aggcctatgc ctccaccgcc180
 aagtgcctga acatctgggc cctgattctg ggcacctca tgaccattct gctcatcgtc240
 atcccagtgc tgatcttcca ggcctatgga tagatcagga ggcacactg aggccaggag300
10 ctctgccccat gacctgtatc ccacgtactc caacttccat tctctgcccc gccccggag360
 ccgagtcctg taccagccct ttatctctac acggttttct acaatggcat tcaataaaagt420
 gcaagtgttt ctggtgaaaa aaaaaaaaaa a 451

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

 ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcag gttaagatat agtctgtgga tggatcatct 60
 gatgatgatg gataaatttg atttttgctt tgggtgggct cctcttgggg atggattatg 120
 gaatttaaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggg aaaaaaaaaa 180
40 aaaattttaa gtgacagtgc catagtttgg acagtacctt tcaatgatta attttaatag 240
 cctgtgagtc caagtaaatg atcactttat ttgctagggg gggaaagtcc aggggtggtt 300
 cagtttctcc cagacatacc taaattttta catcaatcct tttaaagaaa atctgtattt 360
 caaagaatct ttctctgcag taaatctcgc aggggaattt gcactattac acttgaagt 420
 tgttattggt aaccttttgc gcagctttta ataggaaagt taaacgtttt aaacatggta 480
45 gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaaat atgtataaat gtacataaag 540
 acaaactagt aagcatgacc tggggaaatg gtcagacctt gtattgtggt tttggccttg 600
 aaagttagcaa gtgaccagaa tctgccatgg caacaggctt taaaaaagac ccttaaaaag 660
 aactgtctc aactgtgggt ttagcaccag ccagctctct gtacatttgc tagctttag 720
 ttttctaaga ctgagtaaac ttcttatttt tagaaagtgg aggtctggtt tgaactttc 780
50 cttgactta attgggtaaa agtcttttcc acaaacacc atctattttg tgaactttt 840
 tagtcatctt ttatttggta aattatgaac tgggtgaaat ttgtacagtt catgtatatt 900
 gattgtggca aagttgtaca gatttctata ttttggatga gaaattttt ttctctctat 960
 aataaatcgt ttcttatctt ggcattttta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 302 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

gtcttggetc tgtcaccag gctgggtgc agtgagccgg gattgtgcca ctgactccag 60  
 cctgggtgac aggtgaaac gccatctcaa aaaataaaaa ttaaaaata aaaaaagaac120  
 ctggatctca atttaatttt tcatattctt gcaatgaaat ggacttgagg aagctaagat180  
 catagctaga aatacagata attccacagc acatctctag caaatttagc tattgctatt240  
 gttaggctat tgcttacagc tgtatttgac catatacttg gagttgaata ttgtttcat300  
 ac 302

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1931 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gttccttttg ttttttctgt ttcttttctc gttggttttc tttcctttta atagttaaga 60
gattttattc taatagctat aattacagtg cttggttgtc gaaatgaaaa ctgaaaacaa 120
5 gtatacaaaa cagttgatta ctaatcgtgt attgaaagca gtaagagggt ccacgacacc 180
aaatagacca gttctgaggt ttccccaaga taaatttaac agctccagct tcagtgttta 240
tcaaaataca aaagaaaaaa gtagagggtg tctttttcga tggcaaactg gacccttgca 300
ggctgaggga gagaaagcta catcacacac agagggtggg tgctcccag gggctgtggg 360
tctagtggga ccgctgccc ggcttgcaag cgctcctgct ggtgaggccc cagacatect 420
10 gccaaagtgt ctgagcgagc acgagtgttg gggacgacgg acccactctg gccacacggc 480
gaccgaggga cagatggggc cctgcgtccc ataggctgcc tgaagggtgg tagggcgcc 540
gcggcatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tgggaaccgt gggagcacag 600
ggacaagcac atggctatgg aatgcagggt gacccaagga caagcgagtt gcggggatct 660
ctactgtgac catgcagaat tgatcgagct ctctgcgcca ccaccacctc atgttcccga 720
15 ggggaacagc tgggctggcg actggcatcc aggcgctaac tgcaaacta tgctaggcgg 780
ggtctccctt ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggatt cttaactatt ttaaaaaatg 840
cactgagttt ggggttaaaaa ccaaccacca aaatggattt caacacagct ctaaagccaa 900
gggctgccc ggctctccca acacagcgac tctggaggc caggtgccc tgggctaca 960
tcccctctca gcaactgaaca gtgagttgat ttttctttt acaataaaaa aagctgagta 1020
20 atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaacaa aaaactattt acattaaata 1080
aaaagcctgg ccgagaggct cgtctgccac atttacagca cggtgcgatg cacacggtga 1140
ccaaaccagc gaggcagctt ctggcactca caccacgagc cgcacgttg ccacatgaga 1200
gtaaagcaga gggcaagagg agtgagagg aggggggtcg cgttcacttc tggttccgga 1260
gctgattgga cagccagtc agtcctcat agagcccgtc gccgctggtg gcgaggtgg 1320
25 cctgaatgta ccagttcctg tggcgtagtg agtgcagccc cagcttgtct gtgatctcgg 1380
ccgattcat ggcgttgggg aggtcctgct tgttggcgaa caccaggagg acagcatccc 1440
ggagctcgtc ctccggccagc atcctcatga gctcctcac ggcctcgtt acacgctctc 1500
tgtcattgct gtccaccacg aagatcagc cttgtgtgtt ctggaagtag tggcgccaca 1560
ggggccgag ctgtcctgg ccaccacagt cccacacagt gaagctgat ttcttgtact 1620
30 ccacggtttc cactgtgaag cctatggtgg gaatggtgg cacgatctca ccagcttaal 1680
gctttagtag gatcgtggtc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgcat 1740
cttttttggc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttccccatg cttgtggaca 1800
ggtggaagga cactggccag ggacacctca gaggctgctg ctccgagcca ggcgttgg 1860
35 ttgctcccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca gcgctccgg gcgcggggca 1920
cgccgggtaa g 1931

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1464 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

55

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

```

5 gggggcgc atg gacccccact cgccctccatc ttgctgctgc tgcttcggcc gctcttttag 60
 cccctcgc gcc ccccgcggtt ggctgcggga gagcccgcgt cccactcccc tgctcgcctc 120
 gaccccgcgc cgggcacctg ttgcttgga cagatagaag ggatggttg ggatacttcc 180
 caaaactttt tccaagtcaa cttggtgtag ccggttcccc ggccacgact ctgggcactc 240
 cccctgaagc tcctctccgg agcttgactt ctggacctc ctccccgcc ccaattgcaa 300
 gctccagaaa ctcccaactc gtctgccgtc cagaaaagta gctgcagtgt tcaggacgtc 360
10 cgggaggaag caagcatgtg ggggacagaa cagtagtcct ggactcgaaa ggggaaggtgc 420
 tgaccagtgg ggccttagca atttgaaggg ttgggaagga ggaattatat ttgcaaaggg 480
 gctgtctatt agcatatttc ctttgagggg gcaaaaaaaaa gtgccagtat cgacttttac 540
 agattgtggc cagtgggat attataatcc tatgtaaaaa gaaaagtccc acttaccgat 600
 tcattctttc actgtttgta tctgcgcca gaattctcag tgacgtgggg gtgaggggtg 660
15 gtggcgattg ccttagaggg aaccctaaa ttggttttg ataagtttg gcccttgacc 720
 ttaatttc at tgctaccact ctgatctctt agcacatttc ttaggattaa gggtcacaaa 780
 atgctgatct aaggggttgc catggtgtt aacaatgcaa ctttttattt aaaaaagctc 840
 tgcaactgcca tgtatgaaag tctctttatg atgtttgttt ttttgtcatt tttgttctt 900
 acatcaagaa attttatgtt taaatatgcg gagaatgtat attgcctctg ctccatcag 960
20 ggttgctaaa ccctgttaca tcgtatataa aatgtattaa aactgggggtt tgttaccagt 1020
 tgctgtactt tgtatataga atttttataa attgtatgct tcagaaataa tttattttal 1080
 aaaagaaatt aaaagtttta aactcacatc catattacac ctttcccccc tgaatgtat 1140
 agaatccatt tgtcatcagg aatcaaaacc cacagtccat tgtgaagtgt gctatattal 1200
 gaacagtctt aaaatgtaca gtgtatttta tagaattgaa gttaacattc ttattttcaal 1260
25 gagaatttat ggacgttgta gaaatgtaca aatgcatttc caaactgcct taaacgttgt 1320
 attttatag acatgttttt taaaaatcct aagtttttaa ataactatgg atttgtgtat 1380
 ttttttgggt tatttgtttt attaaaacat gtacatcagt aaagagtttt aaacaatgaa 1440
 aaaaaaaaaa aaaatttcca aaaa
 1464

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2103 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

55 gcggccgcgg ccacgaatcg agcagtgacc gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60
 ccacctgtct ccgccctcgc gccctcgcgc cggtttgccc taaccgccac gatgatgttc 120
 tcgggcttca acgcagacta cgaggcgtca tctctccgct gcagcagcgc gtccccggcc 180

```

```

gggaatagcc tctcttacta ccactcaccg gcagactcct tctccagcat gggctcgct 240
gtcaacgcgc aggacttctg cacggacctg gccgtctcca gtgccaactt cattcccacg 300
gtcactgccca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgcagcccgc cctcgtctcc 360
tctgtggccc catcgcagac cagagccccct caccctttcg gagtccccgc cccctccgct 420
5 ggggcttact ccaggctgg cgttgtgaag accatgacag gaggccgagc gcagagcatt 480
ggcaggaggg gcaagggtgga acagttatct ccagaagaag aagagaaaag gagaatccga 540
agggaaagga ataagatggc tgcagccaaa tgcgcgaacc ggaggagggg gctgactgat 600
acactccaag cggagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgctttgca gaccgagatt 660
gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gagttcatcc tggcagctca ccgacctgcc 720
10 tgcaagatcc ctgatgacct gggcttccca gaagagatgt ctgtggcttc ccttgatctg 780
actggggggc tgccagaggt tgccaccccc gagtctgagg aggcttcac cctgcctctc 840
ctcaatgacc ctgagcccaa gccctcagtg gaacctgtca agagcatcag cagatggag 900
ctgaagaccg agccctttga tgacttctctg ttcccagcat catccaggcc cagtggctc 960
gagacagccc gctccgtgcc agacatggac ctatctgggt ccttctatgc agcagactgg1020
15 gagcctctgc acagtggctc cctggggatg gggcccatgg ccacagagct ggagcccctg1080
tgcactccgg tggtcacctg tactcccagc tgcactgctt acacgtcttc cttcgtcttc1140
acctaccccc aggtgactc cttccccagc tgtgcagctg cccaccgcaa gggcagcagc1200
agcaatgagc cttcctctga ctctctcagc tcaccacgc tgctggccct gtgagggggc1260
agggaaaggg aggcagccgg caccacaaga tgccactgcc cgagctggtg cattacagag1320
20 agggaaaaaca catcttccct agagggttcc tgtagacctg gggaggacct tatctgtgag1380
tgaaacacac caggctgtgg gcctcaagga cttgaaagca tccatgtgtg gactcaagt1440
cttacctctt ccggagatgt agcaaacgc atggagtgtg tattgttccc agtgacact1500
cagagagctg gtagttagta gcatgttgag ccaggcctgg gtctgtgtct ctttctctt1560
tctccttagt cttctcatag cattaactaa tctattgggt tcattattgg aattaacct1620
25 gtgctggata ttttcaaatt gtatctagtg cagtgtatt taacaataac tactgtgttc1680
ctggcaatag tgtgttctga ttagaaatga ccaatattat actaagaaaa gatacgact1740
tattttctgg tagatagaaa taaatagcta tatccatgta ctgtagtttt tcttcaacat1800
caatgttcat tgtaatgtta ctgatcatgc attgttgagg tggctgaaat gttctgacat1860
taacagtttt ccatgaaaac gttttattgt gtttttaatt tatttattaa gatggattct1920
30 cagatattta tatttttatt ttattttttt ctaccttgag gtcttttgac atgtggaaag1980
tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattgtt tgcttattgt tccaagacat tgtcaataaa2040
agcatttaag ttgaaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaga gggggaagca tgggggggtc2100
acc
2103

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 975 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

caccgggag cccaggata ggtaccacta cctgcgctc aaggtgccc accggggggc 60
tgcacttctt cgttcccaag tccccgcac gtccgcagct tgatgcaact ctctccgtac120
gagcccctga gacttccacg ccatgttcca gcccttcctt gagatgatac acgagggtcal180
5 gcaggccatg gacatccact tccacagccc ggccttccag caccggccaa cagaattcat240
acgagaaggc gacgatgacc ggactgtgtg ccgggagatc cgccacaact ccacgggctg300
cctgcggtatg aaggaccagt gtgacaagtg ccgggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
caacaacccc tcccaggcta agctgcgggc ggagctcgac gaatccctcc aggtcgctga420
gaggttgacc aggaaatata acgagctgct aaagtccctac cagtggaaga tgctcaacac480
10 ctctctcttg ctggagcagc tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccga tggcaaacct540
cacgaaggc gaagaccagt actatctgcg ggtcaccacg gtggcttccc acacttctaa600
ctcggacgtt ccttccgggt tcaactgaggt ggtcgtaaag ctctttaact ctaatcccat660
cactgtaacg gtcctgtag aagtctccag gaagaacctt aaattgatgg agaccgtggc720
ggagaaagcg ctgcaggaat accgcaaaaa gcaccgggag gagtgagatg tggatgttgc780
15 ttttgacact acgggggcat ctaagtccag ctccccccaa gatgagctgc agccccccag840
agagagctct gcacgtcacc aagtaaccag gccccagcct ccaggccccc aactccgccc900
agcctctccc cgctctggat cctgcaactt aacactcgac tctgtctgctc atgggaattg960
ctcctgcatg caact
975

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 3061 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

acgggggatct caacggaaac tccagttctc tcaaggatct cctgcaatac ttcgaggcga 60
acctgaaaag ttaggtcagg cgttgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
ctcctctgtc gccgcccctt cctggcttca ccgttctatc attggcaaga aagggcagaa 180
cctggccaaa atcaactcagc agatgccaaa ggttcacatc gattcacag agggcgaaga 240
caagatcacc ctggagggcc ctacagagga tgtcaatgtg gcccaggaac agatagaagg 300
catggtcaaa gatttgatta accggatgga ctatgtggag atcaacatcg accacaagtt 360
50 ccacaggcac ctcatggga agagcgggtg caacataaac agaatcaaag accagtataa 420
ggtgtccgtg cgcacccctc ctgacagtga gaagagcaat ttgatccgca tcgaggggga 480
cccacagggc gtgcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatctc gcatggaaaa 540
tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgcacaatca ttgggcagaa 600
gggtgaacgg atccgtgaaa ttcgtgacaa attcccagag gtcacatta actttccaga 660
55 cccagcacia aaaagtgaca ttgtccagct cagaggacct aagaatgagg tggaaaaatg 720
cacaaaatac atgcagaaga tgggtggcaga tctggtggaa aatagctatt caatttctgt 780

```



5 tccgatcttc aaacagtttc acaagaatat cattgggaaa ggaggcgcaa acattaaaaa 840  
 gattcgtgaa gaaagcaaca ccaaaatcga ccttccagca gagaatagca attcagagac 900  
 cattatcatc acaggcaagc gagccaactg cgaagtgcc cggagcaggat tctgtctatt 960  
 cagaaagacc tggccaacat agccgaggta gaggtctcca tccctgccaa gctgcacaac1020  
 10 tccctcattg gcaccaaggg ccgtctgatc cgctccatca tggaggagtg cggcggggtc1080  
 cacattcact ttcccgtgga aggttcagga agcgacaccg ttgttatcag gggcccttcc1140  
 tcggatgtgg agaaggccaa gaagcagctc ctgcatctgg cggaggagaa gcaaaccaag1200  
 agtttctact ttgacatccg cgccaagcca gaataccaca aattcctcat cggcaagggg1260  
 ggcggcaaaa ttcgcaaggt gcgcgacagc actggagcac gtgtcatctt ccctgcggtc1320  
 15 gaggacaagg accaggacct gatcaccatc attggaaagg aggacgccgt ccgagaggca1380  
 cagaaggagc tggaggcctt gatccaaaac ctggataatg tgggtggaaga ctccatgctg1440  
 gtggacccca agcaccaccg ccacttcgtc atccgcagag gccaggctctt gcgggagatt1500  
 gctgaagagt atggcggggg gatggtcagc tccccacgct ctggcacaca gagccgataa1560  
 gtcaccctca agggcgccaa ggactgtgtg gaggcagcca agaaacgcat tcaggagatc1620  
 20 attgaggacc tggagctca ggtgacatta gaatgtgcta taccacagaa attccatcga1680  
 tctgtcatgg gcccaaaagg ttccagaatc cagcagatta ctgggattt cagtgttcaa1740  
 attaaattcc cagacagaga ggagaacgca gttcacagta cagagccagt tgtccaggag1800  
 aatggggagc aagctgggga ggggagagag gctaaaagatt gtgaccccg cctccaagg1860  
 aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaagt gtgaggctgc caaggagct1920  
 25 ctggaggcat tggttcctgt caccattgaa gttagaggtgc cctttgacct tcaccgttac1980  
 gttattgggc agaaaggaag tgggatccgc aagatgatgg atgagtttga ggtgaacata2040  
 catgtcccgg cacctgagct gcagctctgac atcatcgcca tcacgggcct cgctgcaaat2100  
 ttggaccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag2160  
 gaccgggctt taaggagttt taagctgagt gtcactgtag accccaaata ccatcccaag2220  
 30 attatcggga gaaagggggc agtaattacc caaatccggt tggagcatga cgtgaacatc2280  
 cagtttcctg ataaggacga tgggaaccag cccaggacc aaattaccat cacagggtac2340  
 gaaaagaaca cagaagctgc cagggatgct atactgagaa ttgtgggtga acttgagcag2400  
 atggtttctg aggacgtccc gctggaccac cgcgttcacg cccgcacatc tggtgcccgc2460  
 ggcaaagcca ttcgcaaaat catggacgaa ttcaaggtgg acattcgctt cccacagagc2520  
 35 ggagccccag accccaactg cgtcactgtg acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc2580  
 atcgaccaca tcctcaatct ggaggaggaa tacctagctg acgtgggtgga cagtgaggcg2640  
 ctgcaggtat acatgaaacc cccagcacac gaagaggcca aggcacctc cagaggctt2700  
 gtggtgctgg acgcaccctg gaccgcccagc agcagtgaga aggtcctga catgaggtac2760  
 40 tctgaggaat ttcccagctt tggggctcag gtggctccca agaccctccc ttggggcccc2820  
 aaacgataat gatcaaaaag aacagaacc tctccagcct gctgacccaa acccaaccac2880  
 acaatggttt gtctcaatct gaccagcgg ctggaccctc cgtaaatgt tgacgctctt2940  
 ccccctccc gaggtccgca gggagcctag cgctggctg tgtgtgctgc cgctcgagca3000  
 tgcacataga gggcccaatt cggcctatag tgagtcgtat tacaattcac tggccgtcga3060  
 t 3061

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2592 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

ccggggcccc agtgaggagc tgetgcgga gtgggagcag cggttgcagg agtctgctc 60
cgtgtgcctg gccgggctag atggcttccg ccggcagcag caggaggaca gggagcggct 120
gcgagcgatg gagaagctgc tggccccgct ggaggagcgg caacggcacc tcgcagggct 180
10 ggcgggtgggc cgcagcgcct gcaggaatgc tgetctccag agctgggccc gcgactggca 240
gagctggagc gcaggtgga tgetctggcc ggctcagtga cagtgtgag tgggaggcga 300
ggcacagagc tgggaggagc cgcggggcag ggaggccacc ccccaggcta caccagcttg 360
gcctcccgcc tgtctgcct ggaggaccgc tcaactcca ccctgggccc ttcggaggag 420
caggaggaga gctggcctgg ggctcctggg gggctgagcc actggctgcc tgetgcccgg 480
15 ggccgactag agcagttggg ggggctgetg gccaatgtga gcggggagct gggggggcgg 540
ttggatctgt tggaggagca ggtggcaggg gccatgcagg catgcgggca gctctgctct 600
ggggccccctg gggagcagga ctctcaagtc agcgagatcc tcagtgcctt ggagcgcagg 660
gtgctggaca gtgaggggca gctgcggtg gtgggctccg gcctgcacac ggtggaagca 720
gcgggggagg cccggcaggc cacgctggag ggattacaag aggttgtggg cccgctccag 780
20 gatcgtgtgg atgccagga tgagacagct gcagagttca cactacggct gaatctcact 840
gcggccccggc taggccaaact ggaggggctg ctgcaggccc atgggatga gggctgtggg 900
gcctgtggcg gagtccaaga ggaactaggc cgccttcggg atggtgtgga gcgctgctcc 960
tgccccctgt tgccctctcg gggctcctggg gctggctccag gtgtggggg cccaagccgt1020
gggccccctgg acggcttcag cgtgtttggg ggcagctcag gctcagccct gcaggccctg1080
25 caaggagagc tctctgaggt tattctcagc ttcagctccc tcaatgactc actgaatgag1140
ctccagacca ctgtggaggg ccagggcgct gatctggctg acctgggggc aaccaaggac1200
cgtatcattt ctgagattaa caggctgcag caggaggcca cagagcatgc tacagagagt1260
gaagagcgct tccgaggcct agaggagggg caagcacagg ccggccaagt ccccagctta1320
gaggggcgat tgggcccgtct tgagggtgtc tgtgaacggg tggacactgt ggctggggga1380
30 ctgcagggcc tcgcgaggg cctttccaga cacgtgctg ggctctgggc tgggctccgg1440
gaaaccaaca ccaccagcca gatgcaggca ccctgctgg agaagctgg cggggagag1500
gcgggcccctg gcaggcggct ggggtgccctt aacagctccc tgcagctcct ggaggaccgt1560
ctgcaccagc tcagcctgaa ggacctcact gggcctgcag gagaggctgg gccccagggl1620
cctcctgggc tgcagggacc cccaggccct gctggacctc caggatcacc aggcaaggac1680
35 gggcaagagg gccccatcg gcccaccaggt cctcaagggt aacagggagt ggagggggca1740
ccagcagccc ctgtgcccc agtggcattt tcagctgctc tgagtttgc ccggtctgaa1800
ccaggcacgg tccccttcga cacagctctg ctcaatgat gaggtatta tgatccagag1860
acaggcgtgt tcacagcgcc actggctgga cgetacttgc tgagcgcgg gctgactggg1920
caccggcacg agaaagtgga ggccgtgctg tcccgtcca accaggcgt ggcccgcgtal1980
40 gactccgggtg gctacgagcc tgagggcctg gagaataagc cggtgccga gagccagccc2040
agcccgggca cctgggctg cttcagcctc atcctgccgc tgcaggccgg ggacacggct2100
tgcgctcgacc tggctcatggg gcagctggcg cactcggagg agccgctcac catcttcagc2160
ggggcccctgc tctatgggga ccagagctt gaacacgct agactgggg cccgcccagc2220
gtgtctacgt cggctgaaga gacagcggg gcggcggct cctggggtct cccctgagac2280
45 ggggcaccta gccctgggcg agcgcgcgac cggggcccgc agcggcaccg ccccagagc2340
ggcctctccc cacgcccggg gcgcgcggc tcagggaggc tcggggccgc ccatgcagac2400
ttttggcctg gcgcgatccc ccaagaacce ctccagggcc ggcctgcgga ggagccgatc2460
ctcgcaccct ccgctccctc cactggccct ccaggtcgat tcctgggct ccaggtccc2520
50 ccgcgcgggc gccgcccacc gccatactaa acgatcgagg aataaagaca cttggttttt2580
ctaaaaaaa ct 2592

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 884 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
ggtcacaggt caagtcattc actagtcccc actaggaggg gtggcagggg cagggctggg120
gggtgggggg cgagtcacca aggtgggggg cccaggagg gcaagctcct ttaccatct180
ttgaaggctg ttggggcctg ggaatgtgga ccagccccgc ctgggccccca gagcagggca240
cgaagcccca caaaggtcct gccgccacag aggagggcaa cagagccaca ggcaggccca300
gaggggcccgg tggacggcac tgcaggggct ggcttcatgc cttcttgagg ttctctgccc360
ccatccagct agagctcgtc atggctcgtc tcggtgggtg cttcaggcgg tggctccggg420
caggcgggctg gcgtcatcag ctccatgagg tactcgcagc gactgggctc tgggtgctg480
gtcaccatgg tctctttccc gcacaggagg cgcacgggtg tggagcgggt ggggccctgc540
cagcagcccc tgcttgctc atacttcatg gcactgaact tgtcgtggtc ggggccaatc600
catgagcccc aggtgccaaag gctggtgga gagccccca gtttgggtt ctgcgagaca660
agcttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcggtgggtg tgagctcgta gcactggctg720
tacaggtaag caaactcccc gttggggcca aagtcaaaag aaatctctg ctccaggttc780
ctgatggact cctccatgct cttcagcgac cgctcggcct cctcgaactt gttgcgggcc840
tcctgggcag ctgggagagg ggttgagggt cagctcgagc cggg 884

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

5 ttctagatcg cgagcggccg ctcggatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
 aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcgcg tggacctcga ccagctgctg120
 gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180
 ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgctt gcgcaaggcc aagaaggagg240
 cgccgcccat ggagaagccg gaagtgggga agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
 ccgagatggt gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gacctggaac caggtggaga360
10 tcaagcccga gatgatcggg cactaactgg gcgagtctc catcaactac aagcccgtaa420
 agcatggccg ggccggcatt ggggccacc cttctgccc gttgatccct gtgaagtaaat480
 gggtagtaaa ttt 493

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

 gttccgcaat tgttcgggcc aaaagtctgg gaaccaccg ccaaggcctg tgctcgaacc 60
 gaaggcactt ccaaccaacc aaccgtgttc aaacttcccc cgtctcccca tccctgtccc120
 actcccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc cccattacga cctctcccag180
40 ctgctgaaaag gccacgggag gtgaggetct tcacatccca ttgggactcc atgctccttg240
 agaggagaaa tgcaataact ctgggagggg ctcgagaggg ctggteetta tttatttaac300
 ttcacccgag ttctctgagg tttctaagca gttatgggta tgacttagcg tcaagacatt360
 tgctgaactc agcacattcg ggaccaatat atagtgggta catcaagtcc atctgacaaa420
 atggggcaga agagaaagga ctcagtgtgt gatccggttt ctttttgtct gccctgttt480
50 tttgtagaat ctcttcagtc ttgacatacc taccagtatt attcccagc acàcatatac540
 atatgagaat ataccttatt ttttttggg taggtgtctg ccttcacaaa tgcattgtc600
 tactcctaga agaaccfaat acctcaattt ttgttttga gtactgtact atcctgtaaa660
 tatacttaa gcaggtttgt tttcagcact gatggaaaat accagtgttg ggttttttt720
 tagttgcca cagttgtatg tttgctgatt atttatgacc tgaataata tatttcttct780
50 tctaagaaga cattttgtta cataaggatg acttttttat acaatggaat aaattatggc840
 atttctattg aaaaaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaaaaaa gaggggggga gagaggagag900
 gggggggggc ggt 913

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1917 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

agcttgagca gcagctgagc gccaaaaaca gcacactcaa acaactggaa gaaaaactca 60
aaggccaggc tgactatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
25 ttgaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gccctggag gtgctgtgc 180
tggagaagaa ccgctcgctg cagtccgaga acgcccgcgt gcgcatctcc aacagcgacc 240
tgagcggacg ctgtgcggag ctgcaagtcc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
agcagagaga gctgacgcc cgctggagc aggacctgag catcattcag tccatccagc 360
ggccccgatg cgaggggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
30 aggccactgc cctattctac ggacctgcag caccagccag cgggtgccctc ccagagggcc 480
aggtggattc actgcttcc atcatctcca gccagagga gcgcttccgt gcccggaacc 540
aggagcttga ggccgagaac cgctggccc agcacacct ccaggecctg cacagtgagc 600
tggacagcct gcgcgccgac aacatcaagc tctttgagaa gatcaagttc ctgcagagct 660
accctggccg gggcagcggc agtgatgaca cggagctgcg gtactcgtcc cagtacgagg 720
35 agegcctgga ccccttctcc tccttcagca agcgggagcg gcagaggaag tacctgagct 780
tgagtccctg ggacaaggcc accctcagca tggggcgtct gggttctctc aacaagatgg 840
cgcgcacatc cggcttctc tacacactgt tctgcactg cctggctctc ctggtgctct 900
acaagctggc atggagcgag agcatggaga gggactgtgc caccttctgc gccaagaagt 960
tcgctgacca cctgcacaag ttccacgaga atgacaacgg ggctgeggct ggtgacttgt 1020
40 ggcagtgata ccccggggcc tccccctgt cagtgcggc tgcgcctcca ccccgactgc 1080
tcagtgcac taactactta gactcccctg aagaatcccc catggaaact gccttatcc 1140
gctgtccagc agctgccaga ggccccaggt cacctcgggt ccccttgaaa gaatgtctcg 1200
gtcacatcag gcccgctagg tccagagagc gagcccccaa tgcccggcca ggctaagccg 1260
cagagaccct ctacagcccc acctcaggtt agggctctgc ccgcagcctg acctctagcc 1320
45 ctggtggcag aggtccctca gctgcgaggc taattgggtg accaccgatt ccagctgcgg 1380
ttaatccagc ttgggcctgt ctgcaactgc atcctcttgg gctctctag gggcccccca 1440
tgccccgtaa gaggtggaag acgcttctt ccaggacagc aggttttgag tccagcacc 1500
ccagcctgcc ttgcccacca gccccaccct gcagagtata tgaggcttga cagagtctgc 1560
ccccctcccc actgcacccc aagagagaga gccccagcca gcggaacagt ttctattacc 1620
50 cctcctctgc cccagacccc atgtgatttc tgctttcttc tttagcaaga tattctggt 1680
tctagataag gaagagtctc taatgagccc ccgagcccca gtctcttcag actcatggat 1740
tggcttgagg ggtctgaacg tctcctagcc aatcagaact ggctgtggac caccctagca 1800
cggccacctc tcagggccac tggcaggcct tcctgagtta gattttagt tgcataat 1860
gctttgcaca tttgaaataa accacggttg cagccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1917

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 518 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

25

30

```

ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcacgcga ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccocgaag ccatggcaag120
caagggcttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcagctcagc aagtgggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggatcggga aaaaattcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg360
tcggcctcct gaaatgatag cagggagact tgggtgacct cccttcagg cgccatctag420
cacagcctgg ccctgatctc cgggcagcca ccacctctc ggtctgcccc ctcattaaaa480
ttcacggtcc caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagttttg 518

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 634 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

5 ctcccgcgcg cgcgggttaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg cacccecgccc 60
 gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgcta ggeccgctag ccgcccgcct cctcctcagc120
 ctgctgetgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
 cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
 gacaacctca agtgetgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
10 gagggttctt gccccagggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
 tgccagggtg acagccagtg tcttggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
 agaaagtttc tgcttggccc tgcattctgt tccagcccac ctgccctccc ctttttcggg540
 actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctcctt tcccaacca taaagtaacc600
 actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 634

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 879 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

40 ctggcccata aataggggtc tctcagtgcc cctccgctcc tcttgcacc tcctcgctc 60
 tcccacacca ctggcaccag gccccggaca cccgctctgc tgcaggagaa tggctactca120
 tcacacgctg tggatgggac tggccctgct gggggtgetg ggcgacctgc aggcagcacc180
 ggaggcccag gtctccgtgc agccaactt ccagcaggac aagtctctgg ggcgctggtt240
 cagcgcgggc ctgcctcca actcgagctg gctccgggag aagaaggcgg cgttgtccat300
45 gtgcaagtct gtggtggccc ctgccacgga tgggtggcctc aacctgacct ccaccttctc360
 caggaaaaac cagtgtgaga cccgaacct gctgetgcag cccgcggggt ccctcgctc420
 ctacagctac cggagtcccc actggggcag cacctactcc gtgtcagtgg tggagaccga480
 ctacgaccag tacgcgctgc tgtacagcca gggcagcaag ggcctggcg aggacttccg540
 catggccacc ctctacagcc gaaccagac ccccagggtc gagttaaagg agaaattcac600
50 cgcttctgc aaggcccagg gcttcacaga ggataccatt gtcttctctc cccaaaccga660
 taagtgcatt acggaacaat aggactcccc agggctgaag ctgggatccc gccagccag720
 gtgaccccca cgctctggat gtctctgctc tgttccttcc ccgagcccct gccccggctc780
 cccgcaaaag caccctgccc cactcgggct tcatctgca caataaactc cgggaagcaag840
 tcagtaaaaa aaaaaaaaaa gggaaagagg ggtgagga 879

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2015 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

25 ctgagccgcc tgatttattc cgggtcccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcgggggtctg 60
 agcagcccag cgtgcccatt ccagcgeccg cgtccccgca gcatgccgcg cccccgctg 120
 ctggccgcgc tgtgcccgcg gctgctctgc gccccagcc tcctcgtcgc cctggatagc 180
 tgttccaaaa acccctgcc aacgggtggg ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
 ggagatgtct tcccctcgta cacctgcacg tgccttaagg gctacgccc caaccactgt 300
30 gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgccaa ctcacagatc 360
 gccgcctcat ctgtgcgtgt gaccttcttg ggtttgcagc attgggtccc ggagctggcc 420
 cgcctgaacc gcgcaggcat ggtcaatgcc tggacacca gcagcaatga cgataacccc 480
 tggatccagg tgaacctgct gcgaggatg tgggtaacag gtgtgggtgac gcaggggtcc 540
 agccgcttgg ccagtcatga gtacctgaag gccttcaagg tggcctacag ccttaatgga 600
35 cacgaattcg atttcatcca tgatgttaat aaaaaacaca aggagtttgt gggtaactgg 660
 aacaaaaacg cgggtgcatgt caacctgttt gagaccctg tggaggctca gtacgtgaga 720
 ttgtacccca cgagctgcc aacggcctgc actctgcgct ttgagctact gggctgtgag 780
 ctgaacggat gcgccaatcc cctgggcctg aagaataaca gcatcctga caagcagatc 840
 acggcctcca gcagctacaa gacctgggct tgcctctct tcagctggaa ccctcctat 900
40 gcacggctgg acaagcaggg caacttcaac gcctgggtg cggggagcta cgtaaacgat 960
 cagtggctgc aggtggacct gggctcctcg aaggaggtga caggcatcat caccagggg1020
 gcccgtaact ttggctctgt ccagtttgtg gcatcctaca aggttgcta cagtaatgac1080
 agtgcgaaact ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcagtaagat ctcccctggc1140
 aactgggaca accactccca caagaagaac ttgtttgaga cgcccatcct ggctcgctat1200
45 gtgcgcatcc tgcctgtage ctggcacaac cgcctgcgcc tgcgctgga gctgctgggc1260
 tgttagtggc cacctgccac ccccaggctc tctgctttc catgggcccg ctgcctcttg1320
 gcttctcagc ccttttaaat caccataggg ctggggactg gggaagggga ggtgttcag1380
 aggcagcacc accacacagt cccccctccc tccctctttc ccacctcca cctctcacgg1440
 gccctgcccc agcccctaag ccccgctccc taacccccag tcctcactgt cctgttttct1500
50 taggcactga gggatctgag taggtctggg atggacagga aagggcaaag tagggcgtgt1560
 ggtttccctg cccctgtccg gaccgcccgt cccagggtgc tgtgtctctg tctctcctag1620
 cccctctctc acacatcaca tcccatggtt ggcctcaaga aaggcccga agcgcagggc1680
 tggagataac agcctcttgc ccgtcggccc tgcctcggcc ctgggggtacc atgtggccac1740
 aactgctgtg gccccctgtc cccaagacac tcccccttgt ctcctctggt cctctcttg1800
55 ccccttgctc tgaagcccag cgacacagaa ggggggtgggg cgggtctatg gggagaaagg1860
 gagcgagggtc agaggagggc atgggttggc aggggtgggc tttggggccc tctatgctgg1920
 cttttcacc cagaggacac aggcagcttc caaaatatat ttatcttctt cacgggaaaa1980

```



aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 732 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

aaaaaaaaag aaaagccaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtgat gatgctgtga 60
caataagttt gaaccttttt ttttgaaca gcagtcccag tattctcaga gcatgtgtca120
gagtgttgtt ccgtaacctt ttttgtaaat actgcttgac cgtactctca catgtggcaa180
aatatggggg tttgaaagtg tttttcttc gtcccttttg tttaaaaagt ttcacgtctt240
ggtgcctttt gtgtgatgcg ccttgctgat ggcttgacat gtgcaattgt gagggacatg300
ctcacctcta gccttaaggg gggcagggag tgatgatttg ggggaggctt tgggagcaaa360
ataaggaaga gggctgagct gagcttcggt tctccagaat gtaagaaaaac aaaatctaaa420
acaaaatctg aactctcaaa agtctatttt ttaactgaa aatgtaaatt tataaatata480
ttcaggagtt ggaatgttgt agttacctac tgagtagggcg gcgatttttg tatgttatga540
acatgcagtt cattattttg tggttctatt ttactttgta cttgtgtttg cttaaacaaa600
gtgactgttt ggcttataaa cacattgaat gcgctttatt gcccatggga tatgtggtgt660
atatecttcc aaaaaattaa aacgaaaata aagtaaaaaga aaaaaggaaa aaaactcaag720
atagctcgtg cc 732

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

attgcagctg caaggtactc tggtagtca ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60
tttggttggca ttgctctggg gtgggcagtt ttttgaaatg ggccaaccag aaaagcccaa120
gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgtggtttca tgtagttac cttatagtta180
15 ctgtgtaatt agtgccactt aatgtatgtt accaaaaata aatatactta ccccagacta240
gatgtagtat tttttgtata attggatttc ctaatactgt catcctcaa gaaagtgagt300
gtatttggaa ataaagtcag atggaaaatt catttttttaa attcccgttt tgtcactttt360
tctgataaaa gatggccata ttaccctttt tcggccccat gtatctcagt accccatgga420
gctgggctaa gtaaatagga attggtttca cgctgaggc aattagacac ttggaagat480
20 ggcataacct gtctcacctg gacttaagca tctggctcta atccacagt ctcttttctc540
ctcactgtat ccaggttccc tcccagagga gccaccagtt ctcatgggtc gcactcactc600
tctcttctct ccagctgact aaactttttt tctgtaccag ttaatttttc caactactaa660
tagaataaag gcagttttct aaacttctct t
691

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

gtcagatgag ctgattgggc agaaagtggc ccatgctctg gcagaggac tcgggagtaa 60
50 tgggcctgca attggggggg aggtttggtt ggaagggagg ttggatgact gagaaggttg120
ttttcgagca gacaaaggtc atcgagata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
cctatgagcc tgtgtgggcc attggtagt gcaagactgc aacaccccaa caggcccagg240
aagtacacga gaagctccga ggatggctga agtccaacgt ctctgatgag gtggctcaga300
gcacccgtat catttatgga ggctctgtga ctggggcaac ctgcaaggag ctggccagcc360

```

agcctgatgt ggatggcttc cttgtgggtg gtgcttccct caagcccga ttcgtggaca420  
 tcatcaatgc caaacaatga gccccatcca tcttgcttac ccttctgccc agggcagggg480  
 ctaagcaggc gagaagccca gtaactgctt tttccctgca tatgcttctt gattggtgtg540  
 atgtgatgtc tttctgtggg cttaatgcaa agttgtatc 579

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

30 cccaccctcc ctaatttcca ctccccccac cccacttccg ctgccgcggt cgggtccgcg 60  
 gcctgcgctg tagcggctgc cgccgttccc tggaaagtgc aacttccta ccccaccca120  
 gtccctggcc cggctccagc gctgacgtga agatgagcag ctccagaggag gtgtcctgga180  
 tttctctggt ctgtgggctc cgtggcaatg aattcttctg tgaagtggat gaagactaca240  
 tccaggacaa atttaattctt actggactca atgagcaggt ccctcactat cgacaagctc300  
 35 tagacatgat cttggacctg gagcctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagtg360  
 acctgattga gcaggcagcc gagatgcttt atggattgat ccacgcccgc tacatcctta420  
 ccaaccgtgg catcgcccag atgttgaaa agtaccagca aggagacttt ggttactgtc480  
 ctctgtgtga ctgtgagaac cagccaatgc ttccattgg cctttcagac atcccaggtg540  
 aagccatggt gaagctctac tgccccaaagt gcatggatgt gtacacaccc aagtcacaa600  
 40 gacaccatca cacggatggc gcctacttgc gactgggtt ccctcacatg ctcttcatgg660  
 tgcaccccga gtaccggccc aagagacctg ccaaccagtt tgtgccagg ctctacggtt720  
 tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agctccaagc cgccagcaac ttcaagagcc780  
 cagtcaagac gattcgtgta ttccctcccc cacctgtcct gcagttttg acttttctt840  
 tctttttgc cacccttca ggaaccctgt atggttttta gtttaaatta aaggagtcgt900  
 45 tatcgtggtg ggaatatgaa ataaagtaga agaaaaggcc aagaaaaaaa aaaaaaaaa960  
 aaaaaaaa 968

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1175 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

gccccgcccc cgctcagctcg cgcggtgatt cactccctcc ttgccccgg ggcccccttc 60
cgggccagac ggcgggcaag acagctgggt gtacagcgtc ctcgaaacca cgagcaagtg 120
agcagatcct ccgaggcacc agggactcca gcccatgcca tggcggattc tgagcgcctc 180
20 tcggctcctg gctgctgggc cgcctgcacc aacttctcgc gactcgaaa gggaatcctc 240
ctgtttgctg agattatatt atgcctgggtg atcctgatct gcttcagtgc ctccacacca 300
ggctactcct ccctgtcggg gattgagatg atccttgcct ctatcttctt tgttgtctac 360
atgtgtgacc tgcacaccaa gataccattc atcaactggc cctggagtga tttcttccga 420
acctcatag cggcaatcct ctacctgatc acctccattg ttgtccttgt tgagagagga 480
25 aaccactcca aaatcgtcgc aggggtactg ggcctaactg ctacgtgcct ctttggctat 540
gatgcctatg tcaccttccc cgttcggcag ccaagacata cagcagcccc cactgacccc 600
gcagatggcc cgggtgtaggc gaacttccct catttctctc tgcaatctgc aaataactcc 660
tccattgaaa taactcctcc ccaccccaac aacaacattc ccagcagacc aactcccacc 720
ccctctttga ggtaaaagtg cctttattgg gagacttttg tcttccagcc tgccaatcaa 780
30 cctcctggg tgtggccacc atatgtgtg gcctaggtcc tccttctgca cgatccaata 840
ggagacacca gttctgactg aaccatgccc ccacctaagt cacaaaatga gggagtgagg 900
gagttagatt tcagagtcca ggccctaggt tgggacccac tccaaataat ctctcggtg 960
tgggtggtgg ttctatagag ggataaatga ataataaaca ttgttaaaat atacgataat1020
gaataaagta atcctttcat caaatgtggg taaatttcaa gcatcaggag ggggaaatgg1080
35 agtggaaaca gctggggcaa ggaggcaaa aagccaggcc tgttttcaa caaatattaal140
ttacttcaat aatgcaaacg agaggccccg tgcgg 1175

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

acctgcacca ggagacactg ggagggttag tccccaaacc cgcacagagc aggactgcag 60
cctgaggaaa gagcaaggat ttcaggagag aggcctgcga caagtgcga ggaaatagaa120
10 acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcactga180
gcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gcccttcgct ccacgcagaa aaccacactt240
ctcaaacctt cactcaacac ttccttcccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg300
aggtggctgt gctgggggca cccccagca ccctccttcc aaggccacc gtgatcaaca360
tccacagcga gacctccgtg cccgaccatg tcgtctggtc cctgttcaac accctcttct420
15 tgaactgggtg ctgtctgggc ttcatagcat tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga480
agatggttgg cgacgtgacc gggcccagg cctatgcctc caccgccaag tgcctgaaca540
tctgggccct gattctgggc atcctcatga ccattggatt catcctgta ctggtattcg600
gctctgtgac agtctaccat attatgttac agataatata ggaaaaacgg ggttactagt660
agccgcccat agcctgcaac ctttgcactc cactgtgcaa tgctggccct gcacgctggg720
20 gctgttgccc ctgccccctt ggtcctgccc ctagatacag cagtttatac ccacacacct780
gtctacagtg tcattcaata aagtgcacgt gcttgtgaaa aaaaaaaaaa aaggaggggg840
ggaaaaaggg g
851

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

ctcgagccgt tttttttttt tattggtatt tgaatacatt tattgtgaca agaatgctgt 60
50 tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt ttatctagga attgtcaaag agaagattcc 120
aaattggaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tcctgctttg agaataagca 180
cctattgtaa aatttctact aacattataa atggtcacag cacatgccac ttgatacaat 240
ccaaactttg aatgttttga cttctcagtg ggctgtccct ctccactgca accccccttc 300
ctccagcctc ctgaaacatc gcactatcct ttggtaagca attccatata gatagctggg 360
55 ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattta tttctaagt 420

```

```

ctaatagaga acagttttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaatcga 480
cattcttaac tctttcaact ccacctagat agctagtatc tacagatgat gcagaaaaga 540
ggttagggga gtactttcca atagtttatt gtattttctt aaatatacctt tctggaattt 600
tcagaaacaa aacataaaaa aattatatac tttattacaa atggtaaact cagagtgtctc 660
5 caaatctctt atttacaac aacactgggc aggataccca aacaacaaa caaataactt 720
acaaaggcat gaagctggtt attgacagta atcagctttc atcaaattaa aaaatatata 780
tatgtacata cacagttaac gaaggcaggc cagaaagagt tcatctgtag gctcagcctc 840
gctctcacia acctccctcc tgccgccctt ccccaacctt cccccgctt tgtgttctta 900
aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcagtt tgtaaccccc tccccctcc 960
10 ccctttaata ctgaatgaga tcgaatgtta ggtccatgca gttcttggtc aatgttaacg1020
aaaaggtcca acgttccggt cgcgcgggg 1049

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1375 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

```

aatacaactg ccttgtcccc atcctctact tcgccateta gaaagcccgc ctcataagtg 60
aacgcttgac ttctcaaaca gttaacctct aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
40 gcttctcacg gcattcagca gcagcgttgc tgtaaccgac aaagacacct tcgaattaag 180
cacattcctc gattccagca aagcaccgca acatgaccga aatgagcttc ctgagcagcg 240
agggtttggt gggggacttg atgtccccct tcgaccagtc gggtttggg gctgaagaaa 300
gcctaggtct cttagatgat tacctggagg tggccaagca cttcaaacct catgggttct 360
ccagcgacaa ggctaaggcg ggctcctccg aatggctggc tgtggatggg ttggtcagtc 420
cctccaacaa cagcaaggag gatgccttct cggggacaga ttggatgttg gagaaaatgg 480
45 atttgaagga gttcgacttg gatgcccctgt tgggtataga tgacctggaa accatgccag 540
atgaccttct gaccacgttg gatgacactt gtgatctctt tgccccctta gtccaggaga 600
ctaataagca gcccccccag acggtgaacc caattggcca tctcccagaa agttaaacia 660
aaccgacca ggttgcccc ttcacctctt tacaacctct tcccccttcc ccagggttcc 720
tgtcctccac tccagatcat tcctttagtt tagagctggg cagtgaagtg gatatactg 780
50 aaggagatag gaagccagac tacactgctt acggtgccat gatccctcag tgcataaagg 840
aggaagacac cccttcagat aatgatagtg gcatctgtat gagcccagag tcctatctgg 900
ggtctcctca gcacagcccc tctaccaggg gctctccaaa taggagcctc ccatctccag 960
gtgttctctg tgggtctgcc cgtcccaaac cttacgatcc tcctggagag aagatggtag1020
cagcaaaagt aaagggtgag aaactggata agaagctgaa aaaaatggag caaaacaaga1080
55 cagcagccac taggtaccgc cagaagaaga gggcggagca ggaggctctt actggtgagt1140
gcaaagagct ggaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggcggttcc ctggccaagg1200
agatccagta cctgaaagat ttgatagaag aggtccgcaa ggcaaggggg aagaaaagg1260

```

tcccctagtt gaggatagtc aggagcgtca atgtgcttgt acatagagtg ctgtagctgt1320  
 gtgttccaat aaattatntt gtagggaaag taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2443 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

30 tttttttttt tttttttttt tttatttttt ttttttatga atggaagcaa aactttattc 60  
 ctcttggtgctg gagaagagaa ctagtgggtg gttgtgtaca ggacccccat ccctcaccoc 120  
 tcccagaacc aaagaagaca agcagcgcca ccaaatggct ccctctgccc aagtgaaagc 180  
 cgagaggtca gcggtggct ggggaggcag gtgagcgag cacggcacag ggcagggcg 240  
 gctgcagtga caggcggcg gccaggcg cctggcccg ggttgagggg aagagggcg 300  
 ggctgcttgg gttagcggggc aggcttgggg gctgccgct ggacagggcc ccagactcag 360  
 ggaccacaaa cgcggtaggg gctgcctggg atgtgctcgt cccccattt gaccaccagt 420  
 35 gtgtactccc ccttgtcctt gagcaggtag gacacgctgt agagccggct gcccacgtgc 480  
 ttcaccagga tctcctcgca gggggtcctt gggccatgaa cccccaccag cagcatggtg 540  
 ttgcttgcctt tctgtcagtc tactgtgaag ctgctcttct ggcctacgta ggccttgcct 600  
 agccccaggc ccttggccac caccttgcgt gcctcagcag gcccaggacc cggggccccá 660  
 tgctgggggg cacaggtggc cttggtcaga gactctacaa aactgatga tgtctcgtgg 720  
 40 aggctgtggt tgctgacgag acgggggct gtgactttgg ccttgaagg gctgccccca 780  
 atgtggtagg ggcgcgcta cttgatggag atgagtagc tgccagggtc catgggggta 840  
 taggtgacgc ggtagccctc agggcactcc tggcaatcca tcttcacctt ggaggggccc 900  
 tcaatggtca ccgacagggc accagctccc gcattgctcg tgttcacgac gaactcagct 960  
 gggttcccctg tgacaccgcc ttccagacct gctccgtaag cagacaccaa gcctgggtcc1020  
 45 cctccatgcc caggtcctcc aactcggatc ttgaagggc ttccaggat ggggtgccc1080  
 ttgaacttga cgtcaatcag gtaaaccgca ttctcccag ggatgaagcg cacagcatac1140  
 ttatcttggc caatttctgt gacatagcac tctccaggg ctctgaggg gctgtgcacc1200  
 ttggcatcga tcgccccctt ggccccgttc aggtgactg caaaagaggc tggctggtt1260  
 acctttagcc ctgactcctg aaggctagaa acagttaggc ggcggggcgtc gccagacgga1320  
 50 gaagccacag gcaccacgaa ggggctgtcg ggaatgtgt cctcgttga cttgactgag1380  
 acttcgtagt cacctggctc ctggaccaca taagccacac cacaggagcc gtccttgcgg1440  
 tctcaaaaag agatctcagc cttgctgggg ccctcgacag caatggccag gcctccagca1500  
 ccagcttccc ggggtccagat actgaattcg gctggcactc cagcttcagc tctctccagg1560  
 ccagggcccc cagctcggac cttgtggget cccccttccc ctaggggccc cacgggtgaac1620  
 55 tggaaagggc tcccaggcac gtgctggccc ttgtacttca cgctgactgt gtgtgtgccc1680  
 atctcagcgg gaacaaagcg gatgcagtag gtgtggttct ccccttccac gatctcggcc1740  
 tcatgggtct tgcccgatgg gctggtcacc tgggctgtca tatcctggat gctaatttca1800

```

5 gggattttca ggctgaggtc acaatgacta ccaacgttgg ccaactgaagg agccccgacgc1860
 ctgcggttga tgctctcttt caccgggccc tcgectgtca ccttcacaga gaaggggctg1920
 ccaggcacgt gctggctggc aaacttgatg ttgatgatgt agttgcctgg ctctgtgggg1980
 cagtaggtga ccctgcacgt cccgtcctcc aggtcctctg tgttgatgtc caccttgctg2040
10 gggccctcaa tggacaggct gagcccacca tagcctgcat cgcggtatc aatgataaac2100
 tctgcaggct caaagggtgtg gccttcgtga aggcctgac cagagacccg aacacgactg2160
 gcatacccaa ttccgactg getgatcacc accgggatgg ggctgctggc cacgtgctgg2220
 ccatttttct tcacatgcac caggtgctcc cccgtctcct tgggcacgaa tgaatcccc2280
 acgtggccat tacgcagccg cttcagcaaa cagggctcct cccggcccga gggcgggacc2340
10 acagtggccg tcagcaggct gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca2400
 gagccgacct ttaggtggga catacgcatt gattcctcac ctg 2443

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

 gactacgtgg agcccagcca gaacaccatc tccctgaaga tgatcccacg catcgactac 60
 gatcgagca aggccgcat gagcttgaaa gactggttg ccaaaggaa gaagttaag 120
 cggcctccac agaggctgtt tgatgctgag aagatcaggc ccctgggggg tgatgttgcc 180
40 tctgatggtg acttcctcat ctttgagggg aaccgttaca gccggaaggg ctttctgttc 240
 aagagcttcg ccatgtctgc tgtgatcacg gaggggtgta agccaacact ctctgagctg 300
 gaaaagtttg aggaccagcc agagggcatt gacctggagg tggtgactga gagcacaggg 360
 aaggagcggg agcacaactt ccaacctggg gacaacgtgg aggtctgtga gggtagctc 420
 atcaacctgc agggcaagat cctcagcgtg gatggcaaca agatcaccat catgcccaag 480
45 catgaggacc tcaaggacat gttggagttc ccagcccagg aacttagaaa atacttcaag 540
 atgggggacc acgtgaaggt gattgctggc cgattcgagg gcgacacagg cctcattgtg 600
 cgggtggagg agaatttcgt tatcctgttc tctgacctca ccatgcatga gctgaaggtg 660
 ctccccggg acctgcagct ctgctcagag acagcatcag gtgtggatgt tggggccag 720
 catgaatggg gcgagctggg gcagctggat ccccagactg tgggtgtcat cgtgcgacta 780
50 gaacgggaga ccttccaggt gctgaacatg tacgggaagg tggtgactgt cagacatcag 840
 gctgtgaccc ggaagaagga caaccgcttt gctgtggcct tggactcaga gcagaacaac 900
 atccatgtga aagacatcgt taaggtcatt gatggcccc actcaggccg agaaggggag 960
 attcgccatc tcttccgaag cttcgccttc ctacattgca agaaactggg ggagaacggg1020
 ggcatgtttg tctgcaagac ccgccacctg gtgctggctg ggggctcaa gccccgtgat1080
55 gtgaccaact tcaccgtggg tggctttgct cctatgagtc cccggatcag cagccccatg1140
 caccacagtg ctggaggtca gcgtggcggc tttggtagcc caggtggcgg cagtgggtggc1200
 atgagcaggg gccggggccg gagggacaac gaactcatcg gccagaccgt gcgcatctcc1260

```



```

caggggccct acaaaggcta catcgggtgt gtgaaagatg ccacagagtc cacggccccgt1320
gtggagctgc actccacctg ccagaccatc tctgtggacc gtcagcggct caccacgggtg1380
ggctcacggc gcccgggcgg catgacctcg acctatggga ggacgcccat gtatggctcc1440
cagacgcca tgatggctc tggctcccga acacccatgt acggctcaca gacacccctc1500
5 caggatggta gccgcacccc aactacggc tcacagacgc ccctgcatga tggcagccgc1560
actcctgccc agagtggggc ctgggacccc aacaaccca acacgcccgc acgggctgag1620
gaagaatatg agtatgcttt cgatgatgag cccaccccgt ccccgcaggc ctatggggga1680
acccccaatc cccaaacacc tggctacca gacccctcgt cccacaggt caaccacaa1740
tacaaccgc agacgccagg gacgcccggc atgtacaaca cagaccagtt ctctccctat1800
10 gcggggccct ccccaaaagg ttctaccag cccagcccca gcccccagag ctaccaccag1860
gtggcgccaa gccagcagg ctaccagaat acccactccc cagccagcta ccaccctaca1920
ccgtcgcca tggcctatca ggtagcccc agcccagacc ccggtggcta cagtccatg1980
acacctggag ctcccctccc tgggtggctac aaccacaca cgccaggctc aggcacag2040
cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcagggtga aggtgcggga cacctacctg2100
15 gatacacagg tgggtgggaca gacaggtgtc atccgcagtg tcacgggggg catgtgctct2160
gtgtacctga aggacagtga gaaggttgc agcatttcca gtgagcacct ggagcctatc2220
acccccacca agaacaacaa ggtgaaagt atcctgggcg aggatcggga agccacgggc2280
gtcctactga gcattgatgg tgaggatggc attgtccgta tggacctga tgagcagctc2340
aagatcctca acctccgctt cctggggaag cctgaagcag gcagggccgg2400
20 tggacttctg cggatgaaga gtgatcctcc ttccttccct ggcccttggc tgtgacaaa2460
gatcctcctg cagggctagg cggattgttc tggatttctt tttgtttttc cttttagttt2520
tccatctttt cctccctgg tgctcattgg aatctgagta gagtctgggg gagggtcccc2580
accttccctg acctcctccc cacagcttgc tttgtttgta ccgtctttca ataaaaaaa2640
gctgtttggt ctaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

taaattcgcg gcccgctgcac tttttttttt tttttttttt agctctctta gaaattttat 60
tggctcctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgtca gagtcccccc aacctcact120
gtttcccgtt gccattgatg gggaggttca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180
gcttggggccg ggcactgagg cgccccacat atgctgagag cagggggaac gcatccaggc240
agccaggggc taggacctca tggatcagca gcäagtccag caggtttag tcagcgaagg300
55 agatctggtc tcccacaatg aaggcttgc ctcccgtgt ctgggacagc aggttctcaa360
aaggcttcag ttgcccgggc agtgccctca catagtcac cttgcccgcc tcatagttgg420
tgtagatgag ggagatgtat ttgcagcgga ggtcctccac gccgtcattc accatgtcca480

```

ccagggtgct ctctgctgg tccttcccat agagcccaag ggtgcgggccc aggtgacgca540  
 ggatggatt ggactggtac aggtgaggt ctccgtcctg gaacttgggg agctgcccgt600  
 ataggcagga ggctttgagt gagccctcct gccacgtctc cacggtcacc acctcctcct660  
 tccagctctg gccctgatct gccagcagca tgcgcagggc cgcgcagcgg cctcgaactg720  
 5 gaaatagac cacggtgtag ggcggcatgg tggcgaagac tgcggcggcg aaactccagc780  
 gaaagcctcg cggcctccga gccttataag ggtgggcccg ccccgtccg cccagtgct840  
 gagtcacggc gccggccgct cttctggagg gtccccg 877

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

35

cctctctctc cagcgtctc tttcctacaa cctctctctc tcagcgttc ttctttcttg 60  
 gtttgatcct gactgctgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatggtgt120  
 ccaccttcca caagtactcg ggcaaagagg gtgacaagtt caagctcaac aagtcagaac180  
 taaaggagct gctgaccgg gagctgcca gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240  
 ctttccagaa gctgatgagc aacttgaca gcaacagga caacgaggtg gacttccaag300  
 agtactgtgt ctctctgtcc tgcatcgcca tgatgtgtaa cgaattctt gaaggcttcc360  
 cagataagca gccaggaag aaatgaaaac tcctctgatg tggttggggg gtctgccagc420  
 40 tggggccctc cctgtcgcca gtgggcactt tttttttcc accctggctc cttcagacac480  
 gtgcttgatg ctgagcaagt tcaataaaga ttcttgaag ttttaaaaaa aaaaaaaaaa540  
 aaaaaaa 548

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1221 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

15 tggaaacata aatggggagg ggagagccca ctgggtagaa ggaacagga gcgccagga 60
 tctgctgctg gcaactgccc tccctggcgag ccgcgccctac gcgcccccctg ccccaggcca 120
 ggccctgcag cgagtgggca tcgttggggg tcaggaggcc cccaggagca agtggccctg 180
 gcaggtgagc ctgagagtcc acggcccata ctggatgcac ttctgcgggg gctccctcat 240
 ccacccccag tgggtgctga ccgcagcgca ctgctggga ccggacgtca aggatctggc 300
 cgccctcagg gtgcaatgcg ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccggtc 360
20 agcaggatca tcgtgcaccc acagttctac accgcccaga tcggagcggg catcgccctg 420
 ctggagctgg aggagccggg gaaggtctcc agccacgtcc acacggteac cctgccccct 480
 gcctcagaga ccttcccccc ggggatgccg tgctgggtca ctggctgggg cgatgtggac 540
 aatgatgagc gcctcccacc gccatttctt ctgaagcagg tgaaggtccc cataatggaa 600
 aaccacattt gtgacgcaaa ataccacctt ggcgcctaca cgggagacga cgtccgcatc 660
25 gtccgtgacg acatgctgtg tgccgggaac acccgagggg actcatgcca gggcgactcc 720
 ggagggcccc tgggtgtgcaa ggtgaatggc acctggctgc aggcgggctg ggtcagctgg 780
 ggcgagggct gtgccagcc caaccggcct ggcactaca cccgtgtcac ctactacttg 840
 gactggatcc accactatgt ccccaaaaag ccgtgagtca ggccctgggtt ggccacctgg 900
30 gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg cttcctacct aggtggcgac 960
 tggccccac accttcccctg ccccgctctg agtgcccctt cctgtcctaa gcccctgct1020
 ctcttctgag ccccttcccc tgtcctgagg acccttcccc atcctgagcc cccttcccctg1080
 tctaagcct gacgcctgca ccgggccctc cggccctccc ctgcccaggc agctggtggt1140
 gggcgctaat cctcctgagt gctggacctc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaaa1200
35 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1221

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 252 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

5 cagtacagag cgggacaggg tgctgccggc acagggctga ccacagagca catcaaaaaga 60  
 ggccccactg ctcagtggag cgtggaggac gaggaggagg ccgtccacga gcaatgccag120  
 catgagagag acaggcaggt caggccagga cgaggaggga ggcgggcatg tcccgagcgg180  
 cgaacaggag tggctcagc tgaagctcga ggccctgactg atgagacgag gcttgggatg240  
 tccagagcag ac 252

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 733 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

35 gcgtcgacgg aggttgagac cagcctgacc aacatgatgt aaaaccccat ctctactaaa 60  
 aatacaaaaa aattggctgg gtgtggtggt ggtgcctgt agttccagct gctcaagagg120  
 ctgaagcaca agaatcgctt gaaccacagga ggtggagggt ggagtgagcc aagatcaagc180  
 tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaaagaa ataataataa240  
 40 taagacaaaa gagacaaggt ctccaggctg gtcaactcct ggccctcaaat gatcctccca300  
 cctcagcctc ccaagcagcc gggactacag gcaaacatca ccatgtccag ctgtccccag360  
 ctttctaatec tggctcttct ctgccccag aacctcaaga aggcatgaag ccagcccctg420  
 cagtgccgtc caccgcccc tctgggctg cctgtggctc tgttgccctc ctctgtggcg480  
 gcaggacctt tgtggggctt cgtgcctgc tctggggccc aggcggggct ggtccacatt540  
 cccaggcccc aacagccttc aaagatgggt aaaggagctt gccctccctg ggccccccac600  
 45 cttggtgact cgccccacca ccccagccc tgtccctgcc acccctocta gtgggggacta660  
 gtgaatgact tgacctgtga cctcaataca ataatgtga tccccaccc aaaaaaaaa720  
 aaaaaaaaaaaa aaa 733

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

20 cttctcccgt tttctttttt tctttttttt cttttttttt ttttttttta aatttgacca 60
 aaaaaaattt attgtacaat taccaccac tggatttgac tcagagagga ccccagagg120
 gtgtctccat ctccctatt tattttcagc ccttgagggc ttcattgtag atcaaagcca180
 aggccccag gaaggtgaca tactcctgga agttcacctc ctggtecttg ttccggcca240
 agtcttccat cagccttgca atttcagcat cctgcagctt cgagccaatg gtgagctcct300
 tctggatcag ctccctcagc tccttcttgc tcagggtgtg cttgtcacc tcctgcccgg360
25 agtacttgtg gaagatggc acgaggaggc caatggcctg atccaggggg catgccatgg420
 ctgagggctg ggcttgagc ggtagggagg cggccaaatg cgacgcgagc ggtcgagggg480
 atgggctgtg tcgcagtccg actggcetta tagcggtegg tgccccggag gccagctcgg540
 ccaagcccac cccgcccgcc caagtcccgc ccgcgcccc ccctgcccgg tggcttacac600
30 aacgcacatt cgcggtttac cccctcgact ttccacgcct cctgcccggg gctgttcccgg660
 gttaggacgg gatgggggag cccagcagtg cccactgcac gcctgggtgac gactctcccc720

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 2124 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

caaacacgcg ggtcagctga tccggcccaa ctgcgggctc acccggctat aagcgcacgg 60  
 cctcggcgac cctctccgac cgggccgccc ccgccatgca gccctccagc cttctgccgc 120  
 5 tcgccctctg cctgctgget gcacccgcct ccgcgctcgt caggatcccc ctgcacaaat 180  
 tcacgtccat ccgcccgacc atgtcggagg ttgggggctc tgtggaggac ctgattgcca 240  
 aaggccccgt ctcaaagtac tcccaggcgg tgccagccgt gaccgagggg ccattcccc 300  
 aggtgctcaa gaactacatg gacgcccagt actacgggga gattggcatc gggacgcccc 360  
 cccagtgctt cacagtcgtc ttcgacacgg gctcctccaa cctgtgggtc ccctccatcc 420  
 10 actgcaaact gctggacatc gcttgctgga tccaccacaa gtacaacagc gacaagtcca 480  
 gcacctacgt gaagaatggt acctcgtttg acatccacta tggctcgggc agcctctccg 540  
 ggtacctgag ccaggacact gtgtcgggtc cctgccagtc agcgtcgtca gcctctgccc 600  
 tggcgggtgt caaagtggag aggcaggtct ttggggaggc caccaagcag ccaggcatca 660  
 ccttcacgac agccaagtac gatggcatcc tgggcatggc ctacccccgc atctccgtca 720  
 15 acaacgtgct gccctctctc gacaacctga tgcagcagaa gctggtggac cagaacatct 780  
 tctccttcta cctgagcagg gaccagatg cgcagctggg ggtgagctga tgctgggtgg 840  
 cacagactcc aagtattaca aggtttctct gtcctacctg aatgtcaccg gcaaggccca 900  
 ctggcaggtc cacctggacc aggtggaggt ggccagcggg ctgacctgt gcaaggaggg 960  
 ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatggtg ggcccgggtg atgaggtgccc1020  
 20 cgagctgcag aaggccatcg gggcgtgcc gctgattcag ggcgagta tgcaccccag1080  
 tgagaagggtg tccaccctgc ccgcgatcac actgaagctg ggaggcaaag gctacaagct1140  
 gtccccagag gactacacgc tcaaggtgtc gcaggccggg aagaccctct gcctgagcgg1200  
 cttcatgggc atggacatcc cggcaccag cgggccactc tggatcctgg gcgacgtctt1260  
 catcgccgc tactacactg tgtttgaccg tgacaacaac aggggtgggtc tcgcccaggc1320  
 25 tgcccgcctc tagttcccaa ggctccgccc ccagcagaca gaaacagagg agagtcccag1380  
 agcaggagcc cctggccca cggcccctc ccacacacac ccacacactc gcccgccca1440  
 tgtcctgggc gccctggaag ccggcggccc aagcccact tgcctgtttg tctgtgggt1500  
 ttcccctccc tgggttcaga aatgctgcct gcctgtctgt ctctccatct gtttgggtgg1560  
 ggtagagctg atccagagca cagatctgtt tctgtcattg gaagaccca ccaagcttg1620  
 30 gcagccgagc tegtgtatcc tggggctccc ttcattcca gggagtcccc tccccggccc1680  
 taccagcgc cgtgggctg agcccctacc ccacaccagg ccgtcctccc gggcctccc1740  
 ttgaaacct gccctgctg agggcccctc tgcccagctt gggcccagct gggctctgcc1800  
 accctacctg ttcagtgtcc cgggcccgtt gaggatgagg ccgctagagg cctgaggatg1860  
 agctggaagg agtgagagg gacaaaaccc acctgtttg agcctgcagg gtgggtgctgg1920  
 35 gactgagcca gtcccaggg catgtattgg cctggaggtg gggttgggat tgggggctgg1980  
 tgccagcctt cctctgcagc tgacctctgt tgcctcccc ttgggcggct gagagcccca2040  
 gctgacatgg aaatacagtt gttggcctcc ggccctcccc caaaaaaaaaa aggagaaaaa2100  
 aaaaaggcgg ccgcccacta gtga . 2124

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 928 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

cggacggtgg ggcgctgctg gcctcccctt acagtgcttg ttcggggcgc tccgctggct 60
tcttggacaa ttgcgccatg tgtgctgctc ggctagcggc ggcggcggcc cagtccgtgt120
atgccttctc ggcgcgcccc ctggccggcg gggagcctgt gagcctgggc tccctgcggg180
10 gcaaggtact acttatcgag aatgtggcgt ccctctgagg caccacggtc cgggactaca240
cccagatgaa cgagctgcag cggcgcctcg gaccccggg cctggtggtg ctccgcttcc300
cgtgcaacca gtttgggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
agtacgtccg gectggtggt gggttcgagc ccaacttcat gctcttcgag aagtgcgagg420
tgaacggtgc gggggcgcac cctctcttcg ccaagctcat cacctggtct ccggtgtgtc480
15 gcgacgacgc caccgcgctt atgaccgacc ccaagctcat cacctggtct ccggtgtgtc540
gcaacgatgt tgccctggaac tttgagaagt tcctggtggg ccctgacggt gtgccctac600
gcaggtacag ccgccgcttc cagaccattg acatcgagcc tgacatcgaa gccctgctgt660
ctcaagggcc cagctgtgcc tagggcgccc ctctaccctc ggctgcttgg cagttgcagt720
gctgctgtct cggggggggt ttcatctatg aggggtgttc ctctaaacct acgagggagg780
20 aacacctgat cttacagaaa ataccacctc gagatgggtg ctggtcctgt tgatcccagt840
ctctgccaga ccaaggcgag tttccccact aataaagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaaa900
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 297 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gcggcgtgag aagccatgag cagcaaagtc tctcgcgaca ccctgtacga ggcggtgcgg 60
gaagtcctgc acgggaacca ggcgaaggcg cgcaagttcc tgggagacgg tggagttgca120
50 gatcagcttg aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggct180
ttaagtccca ctttcccggc ccctaagtt tctctgtgtg gtggtcctgg gggggacca240
gcgagccaac tgtggacgga gggctaaagg cccgttggga ataatcccc ccaacat 297

```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1837 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

agcaggaggt tttcaaccta gtcacagagc agcacctacc ccctcctcct ttccacacct 60
gcaaaactctt ttacttgggc tgaatattta gtgtaattac atctcagctt tgagggtccc 120
tgtggcfaat tcccggatta aaaggttccc tggttgtgaa aatacatgag ataaatcatg 180
aaggccacta tcatcctcct tctgcttgca caagtttctt gggctggacc gtttcaacag 240
agaggcttat ttgactttat gctagaagat gaggcttctg ggataggccc agaagttcct 300
gatgaccgcg acttcgagcc ctccctaggc ccagtgtgcc ccttccgctg tcaatgccat 360
cttcgagtgg tccagtgttc tgatttgggt ctggacaaag tgccaaagga tcttccccct 420
gacacaacte tgctagacct gcaaaacaac aaaataaccg aaatcaaaga tggagacttt 480
aagaacctga agaaccttca cgcattgatt cttgtcaaca ataaaattag caaagttagt 540
cctggagcat ttacaccttt ggtgaagttg gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
aaggaattgc cagaaaaaat gcccaaaact ctccaggagc tgcgtgccca tgagaatgag 660
atcaccaaag tgcgaaaagt tactttcaat ggactgaacc agatgattgt catagaactg 720
ggcaccaatc cgtgaagag ctccaggaat gaaaatgggg ctttccaggg aatgagaag 780
ctctcctaca tccgattgc tgataccaat atcaccagca ttccctcaagg tcttctcct 840
tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agctagcctg 900
aaaggactga ataatttggc taagttggga ttgagtttca acagcatctc tgctgttgac 960
aatggctctc tggccaacac gcctcatctg agggagcttc acttggacaa caacaagctt1020
accagagtac ctggtgggct ggacagagcat aagtacatcc aggttgtcta cttcataac1080
aacaatatct ctgtagttgg atcaagtgac ttctgcccac ctggacacaa caccaaaaag1140
gcttcttatt cgggtgtgag tcttttcagc aaccgggtcc agtactggga gatacagcca1200
tccaccttca gatgtgtcta cgtgcgtct gccattcaac tcggaacta taagtaattc1260
tcaagaaagc cctcattttt ataacctggc aaaatcttgt taatgtcatt gctaaaaaat1320
aaataaaaagc tagatactgg aaacctaact gcaatgtgga tgttttacc acatgactta1380
ttatgcataa agccaaattt ccagtttaag taattgccta caataaaaag aaattttgcc1440
tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgatg ttaactgagc tactagagat1500
attcttattt cactaaatgt aaaatttggg gtaaatatat atgtcaatat ttagtaaaagc1560
tttctttttt taatttcag gaaaaataa aaagagtatg agtcttctgt aattcattga1620
gcagttagct catttgagat aaagtcaaat gccaaacact agctctgtat taatccccat1680
cattactggg aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttta1740
ctaattgcat tattttgaaa aaataaattt aaaatacat tcaaaattaa aaaaaaaaaa1800
aagaggagaa gaaaaagggg aaaaaaaaaagg gggtagg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 1346 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cggctccggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg cagggcgact tgaggaaacc 60
gcagataagt ttttttctct ttgaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
tcaataggtt actaagatat tgcttagcgt taagttttta acgtaatttt aatagcttaa 180
25 gattttaaga gaaaatatga agacttagaa gagtagcatg aggaaggaaa agataaaaagg 240
tttctaaaac atgacggagg ttgagatgaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtatttaa 300
aagaaaattg agagaaaagga ctacagagcc ccgaattaat accaatagaa gggcaatgct 360
tttagattaa aatgaagggtg acttaaacag cttaaagttt agtttaaaaag ttgtaggtga 420
ttaaataaat ttgaaggcga tcttttaaaa agagattaaa ccgaagtgat taaaagacct 480
30 tgaaatccat gacgcagggg gaattgctgc atttaagcc tagttaacgc atttactaaa 540
cgcagacgaa aatggaaaaga ttaattggga gtggtaggat gaaacaattt ggagaagata 600
gaagtttgaa gtggaaaact ggaagacaga agtacgggaa ggcgaagaaa agaatagaga 660
agatagggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
gaaaagttag aagcagaaga aaaaagacaa gctaggaaac aaaaagctaa gggcaaatg 780
35 taaaaactta gaagaaaatt ggaagataga aacaagatag aaaatgaaaa tattgtcaag 840
agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
aaaaatataa agccaaaaat tggataaaat agcactgaaa aatgaggaa attattggtg 960
accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctggtg gtgcagaagt tagaaggtaa1020
agcttgagaa gatgagggtg tttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc1080
40 tagaagggga agttgggttaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgtaattt1140
aaaaaaaaact aaggcagaag gcttttggga gagttagaaa agaatagaga agatagggaa1200
attagaagat aaaaacatac ttttagaaga gaaaagataa atttaaacct gaaaagtagg1260
ccctgcagtc ctactacagt ctgggggtggg gtcctaagag gaggggtccc acctcagccc1320
45 ctgtcagggt ccactggggg gggggggg
1346

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 251 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

## hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

15

```

ggagccgcag ggcccgtagg acgcccattg ggcgccagcc cggaatggca tggctctgaa 60
gccccacttt ccacaaggac tggcagcggc gcggtggccac gtggttcaac cagccggccc120
gtaaagatccg cagacgtaag gcccggaag ccaaggcgcg cgggatcgcc cgcggcccgc180
gtgggggtccc atgcgggcca tgggtgcgctg cccaaggtt tggtagcaca cgaaggtggc240
20 gccggccgcg g 251

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

25 (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

40

```

KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISS ACTSGLLPRR 60
RSPASPRSAH LHHLGGLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLGEG180
LEVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240
45 FSDLMLSLA GSFTSSW 257

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

50 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
 EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
 AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GGRSGGRPAT180  
 15 CGAGAAPTCT RCWRSRPRRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

20

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

35 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
 TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSLE120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
 40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

5 GEGRVWNPEG SKSRHWPDHP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60  
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

10 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

25 GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60  
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

30 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

45 DVLDLSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLEPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

15 LGSRREQKGP GRMTAQUALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60  
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

35 READPVARTA SAGSKTRRNP NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PPGPSSSPG LSÄHDGTQVR 60  
VHAGFCLGLH PSGAPRPQGQ SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120  
PRLFSGGSPT GMGSDSGGS QGHLEP 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:

5 QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQPQRVSCN NAGPERTQPG TFPFLAGARS SSHRRGFSPD 60  
 GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120  
 SMQGSAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLLHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

10

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:

KMRKLRLREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQT60  
 LELKVTASPD KVTKT 75

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

50 VQNI RYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLKDEE TEAQRGEVPG PRPHSQLPL 60  
 DSDQESQEAR LPERGTALPT ARWPPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

15

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQVLHLSE PQFPHLLPAS60  
RGRSPSPRP RCSQGSDGG WSGALGDTGC FGR 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

20

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

RPRPWESAQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRCAGN WVSLPSGEKP RLWDEDRAPA 60  
REGKVP GCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPSPSSH120  
40 HFFRSARAFP EASCD SGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180  
LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

45 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

LGSRREQKGP GRMTAQLVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60  
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120  
SACHALTTLP FQPPFPFERS GLPRSVL 147

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

30 VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60  
QLPAQPRVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120  
SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQWLR GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

35 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

50 IVIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKNSGFVL LFQMRVHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:



- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

LMRATWVKKL PVNSHHFCPS LGNTFRGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLSAY60  
CYTIRLFLLS LIVCNA 76

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

QYADDNLGPS LCDISSGRVR QNONSFLSRI FGNWPLKVFP NEGQK 45

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 465 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

5 EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRRP GNGRGVAASL SSGREVQRVP 60  
 HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGQRYGPL SEPGSARAYS120  
 NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRAVYE DRPPGSVVPT180  
 SAAEASRAMA GDTLSSENYA FAGMYHVFDQ HVDEAVPRVR FANDDRHLA CCSLDGSISL240  
 CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLDA TMRIWASEDG RCIREIPDPD300  
 10 SAELLCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNHVHMN ISTGKKVKGG SSKLTGRVLA LSFDPGRLL360  
 WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLLINACLN420  
 KLLLYRVVDN EGTLLQKRSF PIEQSSHPVR RSSVPSCPSA RGPAW 465

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

15

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCCTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60  
 SPAQSSRPGA SKDRARTRPV SLLEPPFTFL PVEMFMTCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120  
 SSALSGSGIS RMQRPSSEAO MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180  
 35 TSWHREMLPS SEQQARRCRS SLAKRTLGT SSTCWSKT 218

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

40

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

PRRGQWIPTA QPVPSMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60  
 RHHHLTAGDP PPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCRGA ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120  
 VWPVHSQIF 129

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

APRDLTQHPR RPPGGAWAAP QSHSSTLYLC KALSAVLRGG WVGREGLGQA LSSLSLWVGQ 60  
 25 EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCCFNQG GASGFQHNH SLPCPGMPHH TQVSSFALRS120  
 LQGLPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT 152

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

FFLFYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFLFFFL VLRKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60  
 45 TQLLCKKSGV LVGAISWQWQ VSLEQRGERG WVGPPQSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120  
 LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180  
 SPQPGRGNLL ANPQRERGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA 220

45

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

15 RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMVV GTGTSLALSS LLSLLLFAGM QMYSRQLAST 60  
EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFQAKIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120  
VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

35 WWWVRAPRWR SPPSCPCCSL LGCRCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIIWRI 60  
LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WLSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120  
40 QSSHQPRSQA RARRETDPEC SIKLILCKKK KKKK 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

5  
6  
7  
8  
9  
10  
11  
12  
13  
14  
15  
16  
17  
18  
19  
20  
21  
22  
23  
24  
25  
26  
27  
28  
29  
30  
31  
32  
33  
34  
35  
36  
37  
38  
39  
40  
41  
42  
43  
44  
45  
46  
47  
48  
49  
50  
51  
52  
53  
54  
55  
56  
57  
58  
59  
60  
61  
62  
63  
64  
65  
66  
67  
68  
69  
70  
71  
72  
73  
74  
75  
76  
77  
78  
79  
80  
81  
82  
83  
84  
85  
86  
87  
88  
89  
90  
91  
92  
93  
94  
95  
96  
97  
98  
99  
100  
101  
102  
103  
104  
105  
106  
107  
108  
109  
110  
111  
112  
113  
114  
115  
116  
117  
118  
119  
120  
121  
122  
123  
124  
125  
126  
127  
128  
129  
130  
131  
132  
133  
134  
135  
136  
137  
138  
139  
140  
141  
142  
143  
144  
145  
146  
147  
148  
149  
150  
151  
152  
153  
154  
155  
156  
157  
158  
159  
160  
161  
162  
163  
164  
165  
166  
167  
168  
169  
170  
171  
172  
173  
174  
175  
176  
177  
178  
179  
180  
181  
182  
183  
184  
185  
186  
187  
188  
189  
190  
191  
192  
193  
194  
195  
196  
197  
198  
199  
200

FFFFFLLQRI NFIHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60  
DTDSVDEARC KESQQEAQEN LREDLCLESF AKDKILQIIE GSEREHEETR TKQAALDGEPI20  
LGGGQLTAVH LHPSKEQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180  
ASAL 184

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

30  
31  
32  
33  
34  
35  
36  
37  
38  
39  
40  
41  
42  
43  
44  
45  
46  
47  
48  
49  
50  
51  
52  
53  
54  
55  
56  
57  
58  
59  
60  
61  
62  
63  
64  
65  
66  
67  
68  
69  
70  
71  
72  
73  
74  
75  
76  
77  
78  
79  
80  
81  
82  
83  
84  
85  
86  
87  
88  
89  
90  
91  
92  
93  
94  
95  
96  
97  
98  
99  
100  
101  
102  
103  
104  
105  
106  
107  
108  
109  
110  
111  
112  
113  
114  
115  
116  
117  
118  
119  
120  
121  
122  
123  
124  
125  
126  
127  
128  
129  
130  
131  
132  
133  
134  
135  
136  
137  
138  
139  
140  
141  
142  
143  
144  
145  
146  
147  
148  
149  
150  
151  
152  
153  
154  
155  
156  
157  
158  
159  
160  
161  
162  
163  
164  
165  
166  
167  
168  
169  
170  
171  
172  
173  
174  
175  
176  
177  
178  
179  
180  
181  
182  
183  
184  
185  
186  
187  
188  
189  
190  
191  
192  
193  
194  
195  
196  
197  
198  
199  
200

SNQRTIRKGS LSLLDTGPR GKSDLPKVVS KLLAWQEPSF LTERNISPLH CASSSAGPLT60  
CDVTLKRPWQ LLAIELPFQNPSTAQCGRG 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

50  
51  
52  
53  
54  
55  
56  
57  
58  
59  
60  
61  
62  
63  
64  
65  
66  
67  
68  
69  
70  
71  
72  
73  
74  
75  
76  
77  
78  
79  
80  
81  
82  
83  
84  
85  
86  
87  
88  
89  
90  
91  
92  
93  
94  
95  
96  
97  
98  
99  
100  
101  
102  
103  
104  
105  
106  
107  
108  
109  
110  
111  
112  
113  
114  
115  
116  
117  
118  
119  
120  
121  
122  
123  
124  
125  
126  
127  
128  
129  
130  
131  
132  
133  
134  
135  
136  
137  
138  
139  
140  
141  
142  
143  
144  
145  
146  
147  
148  
149  
150  
151  
152  
153  
154  
155  
156  
157  
158  
159  
160  
161  
162  
163  
164  
165  
166  
167  
168  
169  
170  
171  
172  
173  
174  
175  
176  
177  
178  
179  
180  
181  
182  
183  
184  
185  
186  
187  
188  
189  
190  
191  
192  
193  
194  
195  
196  
197  
198  
199  
200

PLSPHWAIVEG FWKGSSMARS CQGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSSCHASSL60  
LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

LLSYLCKMKT GHYP SLKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60  
GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

RQYSYSCMGG MLAICDVAEY RCKAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE60  
QLANLSDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

5 NNDWNKTAAI LTFFVLFKVW IPLAIFCFPP LTLNFNSILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC60  
CQKAKEMPLV FSVLVLLTYS I 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- 10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

25 SKSAQENLL IWTRIFYTPS YNFVLIIDLP ALLDTSAEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60  
SVDRKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQPYLP LRFYLFKFGYH 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 30 (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

45 ERFLLTTCDBG RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60  
50 PCRNNGGSCVQ PGRRCRPAGW RGDTQCSDVD ECSARRGGCP QRCVNTAGSY WCQCWEGHSL120  
SADGTLCPVK GGPPRVAPNP TGVDSAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180  
EHGLPDPGSL LVHSFQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

GPTWPWDAVG VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPEEG EEEEEGPAAW PSAQSPRGGF 60  
WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAEELLEGV120  
20 HQEAAGVREP MLQCLRGQAV QWQHQQLQLL LQQVHPGLQP LHFFLHCTVH SCRVGGHPPGG180  
PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

40 VQLAFVGGQS RLGSGAGHDG GYGHLGAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARPPGRA60  
AWFG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

FSSRLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSLALS SLLSLLLFAG MRVCGRPLAS AGWLÄVRGGL60  
LGSS 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

TRTKQPAPDG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ GQEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ60  
TRAE 64

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

50

WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQRSR HCAAPALPQC ALS 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

LAQSA LGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHN VYSSGHHMHTG TEL

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

5 RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKTM QALEKAYIKD 60  
CVSPSEYTAA CSRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRKF RLDCPLAMER IKEDRPITIK120  
DDKGNLNRCI ADVVSLFITV MDKLRLEIPR HG 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

10

- (A) LÄNGE: 170 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

RQCKPWRRTPT SRTVSPPAST LQPAPGSWSN TKLPSGRSRA QKSALLTNSA ASSAWTARWP 60  
WGSRRRTGPS PSRTTRATST AASQTWSRSS SRSWTSCAWR FRAMDEIQPD LRELMETMHR120  
MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA 170

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

ALSFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMPLR VCSHWLTVWR PSKSGRWLM RCMVSISSRR 60  
SGWISSMARN LQAQLVHDRD EERDHVCDAA VEVALVVLDG DGPVLLDPLH QQRAVQAE120  
AEFVNRADF 129

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

20

```

RAGGGGGQYC ERGEAAAQGE PQHELAGHAA LHAAPARDHP QAGQRVGALP AGEQDPEPDS 60
RHAAAGQQVQ GPQAQVPAPG HTGPPQIRDH RAVEEHCQRV PSARPVPQPP PAAPPRVYQP120
PTYNRIINQI STNEIQSDQN LKVLPPPLPT MPTLTSLPSS TDKPSGPWRD CLQALEDGHD180
TSSIYLVKPE NTNRLMQVWC DQRHDPGGWT VIQRRLDGSV NFFRNWETYK QGFGNIDGEY240
WLGLENIYWL TNQGNKYLLV TMEDWSGRKV FAEYASFRLE PESEYYKLRL GRYHGNAGDS300
FTWHNGKQFT TLDRDHDVYT GNCAHYQKGG WWYNACAHSN LNGVWYRGGH YRSRYQDGVY360
WAEFRGGSYS LKKVMMIRP NPNT: 386

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

45

```

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
ELLAVVPCKG VTRIAMPAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
PVNVLQAQPV FAVNVKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG WLGDPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300
YLLASCMSA VVFRILFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

15 SKTGEEERSE REGKPEIEGK PESEGEPEGSE TRAAGKRP AE DDVPRKAKRK TNKGLAHYLK 60  
EYKEAIHDMN FSNE DMIREF DNMAKVQDEK RSKKQKLGAF LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120  
GGCRAPRRDI EDIPYV 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

20 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

35 ISLHPQKRPQ FLFAFSLIL HLSHIVKFSY HVLIAEIHIM YGLFILLEVM SQPLISFSFG60  
FPGYIILSWA LSCSPCFPW LSFTLWLSLY LWFSLSL 97

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 398 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

5 QDGGRRQWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60  
 VDQFLEDVRL QERTSGGLLS EAPNEKLFFV DTGSKEKGLT KKRTKVQKKS LLLKKPLRVD120  
 LILENTSKVP APKDVLAHQV PNAKKLRRKE QLWEKLAKQG ELPREVRRQA ARLLNPSATR180  
 AKPGPQDTVE RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240  
 10 VAPAGASYNP SFEDHQTLIS AAHEVELQRQ KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300  
 GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHREEDGA AAAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360  
 RPAPAPGAVP AARDQGPGGP EAGGTGAAAE AAAGAAGG 398

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

15 (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

30 WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSLRSL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60  
 AQLHVDVRCV VLEPSQPSGL VLSLPPRLP PPPPPRQSRQ PQHGLGLDPA QPEQLLVPEP120  
 GGPQRGLLYP QPVHSLPPP LLLRLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180  
 35 SPSHSSWNVD SWVAACSVAG RATAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCRKLRQA240  
 PPPRRAPGTA WCÄGVLAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRR AALRCPGARA300  
 WPLLQKG 307

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQ GKATQ 60  
VWAFGDTDV WTRTRPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFPRKG AGSTTVKIVL KEKHKKACVH 60  
GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQRVTC PTEYPCRHPE KVAGKCKKIC120  
PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTCA LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

PVPPSTPAVT PRKWLGSAAR FAQRTKQTLA TVRSVLPGVP RHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60  
SLCPGTRGLG LGGDPPLEAG KRNLPLDSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120  
PDPGAEHGQ SRQSDQDITK T 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

15 YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCFGM YICTPNYLAL 60  
GNHSTTQRQL NKEKFNFYQ VLSNISQTSDFIKGLPANKV HPKYTG EKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116:

35 STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQ LSSL YGSRKNSTKM60  
TGHMPSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

40

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117:

SCRCFYCMPD MPLTRFW RTP NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60  
 SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

30 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60  
 GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120  
 CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180  
 GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTCC ATTCTCCTTT 240  
 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300  
 35 TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGCTC CAGCGTTCTT 360  
 CTGGGACCCT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCCAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420  
 GCTCTGTCTT CCCCCTGCTC TCAGTTTCCC CAAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480  
 GGGGCCCTCC ATGGGGGCAA GGATCCCTTT TAGGATTCAA TCTTCTCTT TTGGGCAGTT 540  
 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600  
 40 ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660  
 GTGGAGTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720  
 GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780  
 GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGCTGTCGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840  
 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGAGGT CGCCGGCCTC 900  
 45 CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GGCGCCACC TCCACCATCT CGGTGGCCTT 960  
 GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020  
 GTAGACCCCG GTCTTGGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080  
 CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTTCTCGCG CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTCCCG1140  
 CTTGTTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200  
 50 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGCTC TTCTCCATCT TCTCCTTGA1260  
 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320  
 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380  
 GCGTCTCCTT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGTCTCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440  
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTAC TTCATCCTGG1500  
 55 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560  
 TTGATCTGCC CCGCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620  
 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGT CGCCTTGCCC1680

AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740  
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800  
 CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860  
 5 GACGGCTCCT CCGTGCCTG AGCCCCAGG GAGGAAGCTC CGGGGCCTCG GCGATCGGGG1920  
 TACCCGGGCA AGCGGCCG 1939

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

30 CGGCTCGAGG TGCCCCTGGG AACCCCCAGA ATCAGAGCCT CCCATGCCCG TCGGTGACCC 60  
 CCCAGAGAAG AGGCGGGGGC TGTACCTCAC AGTCCCCCAG TGTCTCTGG AGAAACCAGG 120  
 GTCCCCCTCA GCCACCCTG CCCCAGGGGG TGGTGCAGAT GACCCCGTGT AGCTCGGGGC 180  
 35 TTGGTGCCGC CCACGGCTTT GGCCCTGGGG TCTGGGGGCC CCGCTGGGGT GGAGGCCAG 240  
 GCAGAACCCT GCATGGACCC TGACTTGGGT CCCGTCGTGA GCAGAAAGGC CCGGGGAGGA 300  
 TGACGGCCCA GGCCCTGGTT CTCTGCCAG CGAAGAGGAG TAGCTGCCGG GCCCCACGAG 360  
 CCTCCATCCG TTCTGGTTCCG GGTTCCTCCG AGTTTTGCTA CCAGCCGAGG CTGTGCGGGC 420  
 AACTGGGTCA GCCTCCCGTC AGGAGAGAAG CCGCGTCTGT GGGACGAAGA CCGGGCACCC 480  
 40 GCCAGAGAGG GGAAGGTACC AGGTTGCGTC CTTTCAGGCC CCGCGTTGTT ACAGGACACT 540  
 CGCTGGGGGC CCTGTGCCCT TGCCGGCGGC AGGTTGCAGC CACCGCGGCC CAATGTCACC 600  
 TTCACTACA GTCTGAGTTC TTGTCCGCCT GTCACGCCCT CACCACCCTC CCCTTCCAGC 660  
 CACCACCCTT TCCGTTCCG TCGGGCCTT CCAGAAGCGT CCTGTGACTC TGGGAGAGGT 720  
 GACACCTCAC TAAGGGGCGG ACCCATGGA GTAACGCGCC CGGCCCGGAT GCGAATCAGG 780  
 45 CCTCCCCTAC ATCTGGGGGC GTTGGCCGCG AGATTCCCAT TGACACCTTT GTTTCGTGTG 840  
 CTTTTAAATT CAGGTTAAAT GTTGAATAA TCTGATGCAG AAGACTCAGC TTCTCAAGGG 900  
 AGAGGGAGGG GGCGGACGGA ATAAATAGTA ACTTATTTAA GAAATGCACT TGGATTCCG 960  
 CCATCAGTCA GGGGCGGGGA AGGGAGTACC ATCCGCAGAT GGGTGCAGCA GGCACCTTGGC1020  
 CAGCAGACA CAGGAGACTA GCAGAAGGAA GAGGCCGGGG AGGAAGAAGC CAGCCAGGAG1080  
 50 GGGGAGCCTG GGTACCCAG ACTCTGAGCC CCCTGATGCG GTGATGTGGC GGCGGATCCA1140  
 GTTACCGTAG GCAGGGACAC GAGTGTAGAC TCCCCGGCCT GTTGGGGCGG TCGC 1194

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 560 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```

20 CAGAGAACGT TTGTCTGCCT GATGAGAGCC ACTTGGGTTA AGAAACTACC TGTGAATAGT 60
 CATCATTCT GTCCTTCATT GGGGAATACT TTTAGAGGCC AGTTTCCAAA AATTCTGCTT120
 AAAAAAGAA TCTGGTTTTG TCTTACTCTT CCAGATGAGA TATCACAGAG GCTTGGGCC180
 AGATTGTCAT CAGCATACTG CTATACTATT CGTTTGTCTT TATTAAGCCT TATTGTGTGT240
 AATGCTGTTA CTTTTTCAGA GTGTTGCGGA GATAGGAACA TGGGAGAGAA ACAATCTGGG300
25 TAACATGAAA GTGATGCTGG TTGCTAAGGG AAGGCAACTT GATTCTGTGG GAAGGGCTGT360
 AGCTGATCCA TCCGTTGTCT AGATTTGAGT ATGAGCACAG TGGGAAGAGGA TTCTGACACA420
 GTAACAGTAG AACTGTGAA CTCTGTGGAC NTTGACTCAG GACACAGAAN GGAATCTCA480
 TTCTTCACTG GCCTCAGGAA TTAGGGGGGT GNAATAGACT CAAGAGATAG TATTTAACCT540
 NNCCACATAA AAGGGTTTGT
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3770 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45  
 50  
 55  
 60

ATTCCGGAGC GTTTGGCGCT TCGCTTCATG GCCGCTCTCC CGCCCCTCCT GGGATCTGTG 60  
 GGGAGCTGGG GAGCCCGCAG CGGCCCGGAG CCGGAGCTGG CGAGCCGAGC GGAGACCTGT 120  
 GCGCCGCGCC TCTGAGGCGC AGCATGTGAA GCGGAGACGG CATCCAGTGG GGGGCGAGCC 180  
 TCTCAGCCGG CCGGGATGGC TACCACGGCC GAGCTCTTCG AGGAGCCTTT TGTGGCAGAT 240  
 GAATATATTG AACGTCTTGT ATGGAGAACC CCAGGAGGAG GCTCTAGAGG TGGACCTGAA 300  
 GCTTTTGTATC CTAAAAGATT ATTAGAAGAA TTTGTAAATC ATATTCAGGA ACTCCAGATA 360  
 ATGGATGAAA GGATTCAGAG GAAAGTAGAG AAAC TAGAGC AACAATGTCA GAAAGAAGCC 420  
 AAGGAAATTTG CCAAGAAGGT ACAAGAGCTG CAGAAAAGCA ATCAGGTTCG CTTCCAACAT 480  
 TTCCAAGAAC TAGATGAGCA CATTAGCTAT GTAGCAACTA AAGTCTGTCA CCTTGGAGAC 540  
 CAGTTAGAGG GGGTAAACAC ACCCAGACAA CGGGCAGTGG AGGCTCAGAA ATTGATGAAA 600  
 TACTTTAATG AGTTTCTAGA TGGAGAATTG AAATCTGATG TTTTACAAA TTCTGAAAAG 660  
 ATAAAGGAAG CAGCAGACAT CATT CAGAAG TTGCACCTAA TTGCCAAGA GTTACCTTTT 720  
 GATAGATTTT CAGAAGTTAA ATCCAAAATT GCAAGTAAAT ACCATGATTT AGAATGCCAG 780  
 CTGATTCAGG AGTTTACCAG TGCTCAAAGA AGAGGTGAAA TCTCCAGAAT GAGAGAAGTA 840  
 GCAGCAGTTT TACTTCATT TAAGGTTAT TCCATTTGTG TTGATGTTTA TATAAAGCA 900  
 TGCCAGGAGG GTGCTTATTT GAGAAATGAT ATATTTGAAG ACGTGGAAAT ACTCTGCAA 960  
 AGAGTGAACA AACAAGTTGG AGATATCTTC AGTAATCCAG AAACAGTCCT GGCTAAACTT1020  
 ATTCAAAATG TATTTGAAAT CAAACTACAG AGTTTGTGA AAGAGCAGTT AGAAGAATGT1080  
 AGGAAGTCCG ATGCAGAGCA ATATCTCAAA AATCTCTATG ATCTGTATAC AAGAACCACC1140  
 AATCTTTCCA GCAAGCTGAT GGAGTTTAAAT TTAGTACTG ATAAACAGAC TTTCTTGTCT1200  
 AAGCTTTTCA AATCCATTTT CATTTCCTAT TFGGAGAAT ATATTGAGGT GGAGACTGGA1260  
 TATTTGAAAA GCAGAAGTGC TATGATCCTA CAGCGCTATT ATGATTCGAA AAACCATCAA1320  
 AAGAGATCCA TTGGCACAGG AGGTATTCAA GATTTGAAGG AAAGAATTAG ACAGCGTACC1380  
 AACTTACCAC TTGGGCCAAG TATCGATACT CATGGGGAGA CTTTTCTATC CCAAGAAGTG1440  
 GTGGTTAATC TTTTACAAGA AACCAAACAA GCCTTTGAAA GATGTCATAG GCTCTCTGAT1500  
 CCTTCTGACT TACCAAGGAA TGCCTTCAGA ATTTTTACCA TTCTTGTGGA ATTTTTATGT1560  
 ATTGAGCATA TTGATTATGC TTTGGAAACA GGACTTGTCT GAATTCCTCT TTCAGATTCT1620  
 AGGAATGCAA ATCTTTATTT TTTGGACGTT TGCTCAACAGG CCAATACTAT TTTTCATCTT1680  
 TTTGACAAAC AGTTTAAATGA TCACCTTATG CCACTAATAA GCTCTTCTCC TAAGTTATCT1740  
 GAATGCCTTC AGAAGAAAA AGAAATAATT GAACAAATGG AGATGAAATT GGATACTGGC1800  
 ATTGATAGGA CATTAAATTG TATGATTGGA CAGATGAAGC ATATTTTGGC TGCAGAACAG1860  
 AAGAAAACAG ATTTTAAAGCC AGAAGATGAA AACAAATGTT TGATTCAATA TACTAATGCC1920  
 TGTGTAANAAG TCTGTGCTTA CGTAAGAAAA CAAGTGGAGA AGATTAATAA TTCCATGGAT1980  
 GGAAGAATG TGGATACAGT TTTGATGGAA CTGGAGTAC GTTTTCATCG ACTTATCTAT2040  
 GAGCATCTTC GACAATATTC CTACAGTTGT ATGGGTGGCA TGTTGGCAAT TTGTGATGTA2100  
 GCCGAATATA GGAAGTGTGC CAAAGACTTC AAGATTCCAA TGGTATTACA TCTTTTTGAT2160  
 ACTCTGCATG CTCTTTGCAA TCTTCTGGTA GTTGCCCCAG ATAATTTAAA GCAAGTCTGC2220  
 TCAGGAGAAC AACTTGCTAA TCTGGACAAG AATATACTTC ACTCCTTCGT ACAACTTCGT2280  
 GCTGATTATA GATCTGCCCC CCTTGCTCGA CACTTCAGCT GAGATTGAAT TTACAAAGGA2340  
 ATTCAGTGTG AGTTCCTTA CAGAGGAATG TCTTATACTT CAGCAGCCCT CGGTTGATAG2400  
 AAAGCAGAGG AGTACCTTA TGACACAGCC AACATTTTGT GAAACAATGA CTGGAACAAA2460  
 ACAGCAGCCA TACTTACCTT TGAGGTTTTA TTTAAAGTTT GGATACCACT AGCTATATT2520  
 TGCTTTTTTC CCCTCACATT GAATTTTAAAT TCCATTCTTG AATGTAGAAA TTT CAGATT2580  
 TCTAAAAC TA CATGTCACTG TTTTTATCCT AGAAAATGTT GCTGTCAGAA GGCAAAGGAA2640  
 ATGTTACCAG TGTTTTCGGT TCTTGTACTT TTAACATATT CCATTTAGAA ATTTTGCCAT2700  
 TCTGTTTTCC ATTAATAATA GGTGAAATAC AGGAAAAC TA CATTGTGTTAT TCCTCAGTTT2760  
 TTAATGACCT TTT CAGCATC AATTGTTAAT CAGATTATTT TAGGTTTTCG TAAATAATTT2820  
 TTTTGCCTCT TTCAAAAGGT TAACAATTAA GCATACTTTC TGCAGTTGGT TGATTGGATT2880  
 TTTTTCTGAG GTACAGCATT AATACTAGTC CAAAAAATGT CATAAACTGA ACTAAAATGA2940  
 TGAACTATTT TATGTAGACA TTAGGAGTGG ATCGGAATAC TTCTGCTTTC TGGGTAAAAC3000  
 TTAAAAGTTT ACTATTTCTT ATTTGGTAAA TAGATTTTAA GCCAATTCTA GTAAGAAATT3060  
 AATAAACTA CCTTATTTTG TATTTCACTT AAGGTGGAGG ACCTTAACTA AAGGACCATA3120  
 TTTATTCAAT ATTTTAAATAT TATAAGGGAA GTAAAAAAA GTGAGGTATA GTCTAAATGG3180  
 TGCATATAGG AAATACTGAC AGTGTTTAGC AACATGCAGC CCTTTGAGAT TTCTGTCGTA3240  
 ATGCTAAACT TGAATAAGAT GGAATGGCTG AACATGTGGT TAGTCTTTTA TTTTAAAGAAG3300  
 AATTGAGAAT TGATAGATTT GGAGATGAGC TTTGCAAAGG CTGTTTGCTT TTCATGCTA3360  
 TAGGTCTGTC ATTGTCCTTT TTCAAAGCAT TTCTGAAGTT ATTCCTACTT GGATATAGTT3420  
 AATGGAATTG GCTTAATTTG ATGACATAAT AAATCACTTA TAAAATTTTA AATATCAAGT3480  
 GAAAATTTAG AAAGGCCATT ACTATTCAT AAACCTTATA AACTTGCTCT GGGAGAATGC3540  
 ATTCTAAAT ATATATAGTG TTT CAGCTCC CATTGTGGTG TTCATAGTCT TCTAGGAACA3600  
 GATAAACTTA AGTATTC AAT TCACTCTTGG GCATTTTTTC CTTAAGACAC GGCTTTTTTAG3660  
 CCGATTTTTG GAAAAACCTG CTTTTCTCT GAGGAACCTT ATTCTGGAAT GTCATCCACT3720  
 TTACCCAAC CGTTCTAAGG TCCAGAGGCT AACCGAGGTA CTGGTTTAGG 3770

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

25  
 30  
 35  
 40  
 45  
 50  
 55

```

GCCAACCAGG GTCAGGCTGT GCTCACAGTT TCCTCTGGCG GCATGTAAAG GCTCCACAAA 60
GGAGTTGGGA GTTCAAATGA GGCTGCTGCG GACGGCCTGA GGATGGACCC CAAGCCCTGG 120
ACCTGCCGAG CGTGGCACTG AGGCAGCGGC TGACGCTACT GTGAGGGAAA GAAGGTTGTG 180
AGCAGCCCCG CAGGACCCCT GGCCAGCCCT GGCCCCAGCC TCTGCCGGAG CCCTCTGTGG 240
AGGCAGAGCC AGTGGAGCCC AGTGAGGCAG GGCTGCTTGG CAGCCACCCG CCTGCAACTC 300
AGGAACCCCT CCAGAGGCCA TGGACAGGCT GCCCCGCTGA CCGCCAGGGT GAAGCATGTG 360
AGGAGCCGCC CCGGAGCCAA GCAGGAGGGA AGAGGCTTTC ATAGATTCTA TTCACAAAGA 420
ATAACCACCA TTTTGCAAGG ACCATGAGGC CACTGTGCGT GACATGCTGG TGGCTCGGAC 480
TGCTGGCTGC CATGGGAGCT GTTGCAGGCC AGGAGGACGG TTTTGAGGGC ACTGAGGAGG 540
GCTCGCCAAG AGAGTTCATT TACCTAAACA GGTACAAGCG GCGGGGCGAG TCCCAGGACA 600
AGTGCACCTA CACCTTCATT GTGCCCCAGC AGCGGGTCAC GGGTGCCATC TGCGTCAACT 660
CCAAGGAGCC TGAGGTGCTT CTGGAGAACC GAGTGCATAA GCAGGAGCTA GAGCTGCTCA 720
ACAATGAGCT GCTCAAGCAG AAGCGGCAGA TCGAGACGCT GCAGCAGCTG GTGGAGGTGG 780
ACGGCGGCAT TGTGAGCGAG GTGAAGCTGC TGCGCAAGGA GAGCCGCAAC ATGAACCTCG 840
GGGTCACGCA GCTCTACATG CAGCTCCTGC ACGAGATCAT CCGCAAGCGG GACAACGCGT 900
TGGAGCTCTC CCAGCTGGAG AACAGGATCC TGAACCAGAC AGCCGACATG CTGCAGCTGG 960
CCAGCAAGTA CAAGGACCTG GAGCACAAGT ACCAGCACCT GGCCACACTG GCCCACAACC1020
AATCAGAGAT CATCGCGCAG TTGAGGAGCA CTGCCAGAGG GTGCCCTCGG CCAGGCCCGT1080
CCCCCAGCNA CCCCCGCTG CCCCCCCCCG GGTCTACCAA CCACCCACCT ACAACCGCAT1140
CATCAACCAG ATCTCTACCA ACGAGATCCA GAGTGACCAG AACCTGAAGG TGCTGCCACC1200
CCCTCTGCCC ACTATGCCCA CTCTCACCAG CCTCCCATCT TCCACCGACA AGCCGTCGGG1260
CCCATGGAGA GACTGCCTGC AGGCCCTGGA GGATGGCCAC GACACCAGCT CCATCTACCT1320
GGTGAAGCCG GAGAACACCA ACCGCCTCAT GCAGGTGTGG TGCAGCAGGA GACACGACCC1380
CGGGGGCTGG ACCGTCATCC AGAGACGCCT GGATGGCTCT GTTAACTTCT TCAGGAACTG1440
GGAGACGTAC AAGCAAGGGT TTGGGAACAT TGATGGCGAA TACTGGCTGG GCCTGGAGAA1500
CATTTACTGG CTGACGAACC AAGGCAACTA CAAACTCCTG GTGACCATGG AGGACTGGTC1560
CGGCCGCAAA GTCTTTGCAG AATACGCCAG TTTCCGCCTG GAACCTGAGA GCGAGTATTA1620
TAAGCTGCGG CTGGGGCGCT ACCATGGCAA TTCCGGGTGAC TCCTTTACAT GGCACAACGG1680
CAAGCAGTTC ACCACCCCTG ACAGAGATCA TGATGTCTAC ACAGGAAACT GTGCCACTA1740
CCAGAAGGGA GGCTGGTGGT ATAACGCCTG TGCCCACTCC AACCTCAACG GGGTCTGGTA1800
CCGCGGGGGC CATTACCGGA GCCGCTACCA GGACGGAGTC TACTGGGCTG AGTTCCGAGG1860
AGGCTCTTAC TCACTCAAGA AAGTGGTGAT GATGATCCGA CCGAACCCCA ACACCTTCCA1920
CTAAGCCAGC TCCCCTCTT GACCTCTCGT GGCCATTGCC AGGAGCCCACT CCTGGTACAG1980

```

CTGGCCACAG CACAAAGAAC AACTCCTCAC CAGTTCATCC TGAGGCTGGG AGGACCGGGA2040  
 TGCTGGATTC TGTTTTCCGA AGTCACTGCA GCGGATGATG GAACCTGAATC GATACGGTGT2100  
 TTTCTGTCCC TCCTACTTTC CTTACACCA GACAGCCCCT CATGTCTCCA GGACAGGACA2160  
 5 GGACTACAGA CAACTCTTTC TTTAAATAAA TTAAGTCTCT ACAATAAAAA CACAACCTGCA2220  
 AAGTACCTTC ATAATATACA TGTGTATGAG CCTCCCTTGT GCACGTATGT GTATACCACA2280  
 TATATATGCA TTTAGATATA CATCACATGT GATATATCTA GATCCATATA TAGGTTTGCC2340  
 TTAGATACCT AAATACACAT ATATTAGTTC CTCAGATGTT GAAGCTGTCA CCAGCAGCTT2400  
 TGCTCTTAGG AGAAAAGCAT TTCATTAGTG TTGTATTACT TGAGTCTAAG GGTAGATCAC2460  
 10 AGACTGTGTG GTCTCAACTG AAAGGATCAC CCTTGGCATC TGTGTGCCTG GATTCTTCCA2520  
 GAATGTCTAC AATGCTAATC TCTCACATAG AGGTTCCAG CTTCTTAAGA ACCCCTTTG2580  
 GCACCTAATC AAATTTCAA ATCCCTCCCC CCACATTTTC ATACTTTTCC CCATTCTCAG2640  
 GACTTTTAC CATCCATCAC CCACTTATCC CTTCATTTGA CACCATTCAT TAAGTGCCCT2700  
 CTGTGTGTCA GTCCCTGGCC ACTCACTGCA GTTCAAGGCC CCCTTTCCGC TCTGCTGTAC2760  
 TCCTCGCCTA CCTACTCCTT GCCTTTTCTG TCGCACAGCC CCTTCTTTCC AGGCGAGATT2820  
 15 CCTCAGCTTC TGAGTAGGAA ACACTCCGGG CTCAGGTTT CTGGTTGGGA AGGGAAGGCC2880  
 AGGCCAAAAG CTCCACCGGC CGTATAGATA ATGTACTCGC AGTTTGTAT GTTCCATTCA2940  
 TACTTTAACC TACAGGTCAT TTGAGTCTTC ACACAAATAA TAACCTATCT GGCCAGGAGA3000  
 ATTATCTCAG AACAGAAGTC ATCAGATCAT CAGAGCCCC AGATGGCTAC AGACCAGAGA3060  
 TTCCACGCTC TCAGGCTGAC TAGAGTCCGC ATCTCATCTC CAACTACAC TTCCCTGGAG3120  
 20 AACAAAGTCC AAAAAATGA AAACAGGCCA CTTCTCAGGA GTTGAATAAT CAGGGGTCAC3180  
 CGGACCCCTT GGTTGATGCA CTGCAGCATG GTGGCTTCT GAGTCTGTG GGCCACCAAG3240  
 TGTCAGCCTC AGCACTCCCG GGACTATTGC CAAGAAGGGG CAAGGGATGA GTCAAGAAGG3300  
 TGAGACCCTT CCCGGTGGGC ACGTGGGCCA GGCTGTGTGA GATGTTGGAT GTTTGGTACT3360  
 GTCCATGTCT GGGTGTGTGC CTATTACCTC AGCATTCTC ACAAAGTGTA CCATGTAGCA3420  
 25 TGTTTTGTGT ATATAAAGG GAGGGTTTTT TTAATAATAT ATTCCAGAT TATCCTTGTA3480  
 ATGACACGAA TCTGCAATAA AAGCCATCAG TGCTATTTGG ATGTAAAAAA AAAAAAAAAG3540  
 G 3541

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2050 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

AGAAAAGTTT ATAAACCAAT TAAGGGAGAA AATAAAATTC AACTAGGCTT GCAGAATAAT 60  
 CAGTGGCAAT CATGAAATCC ACTTCCCAAT TTGGCCTACT TCCTTGTAGC TAGTTACTTC 120  
 55 TTACTCCCC AAGATAGTGT AGCCCTTGTC ACAAGACTGT GTTCCTTTTC TTTTCTATAG 180  
 ATAAGATCTA AGGCACATGA GATGATATGC TTTCTGTTG AGTTTCTCCT TTATGTTACG 240  
 CATACTGATA AAATGTTGA TGCCAGTTGA TCTGAAGGTC CCAGCAAGGA GCCGACTCAC 300  
 AGAAGAATGA AGTTTTTACA TCATGATGAT TTAATCTTCC TTGACCTGAG CAATTGACAA 360

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30

```

CCCCAATTCT CCAGAACCTC ACCGCCACA ATCCCCTTAA AAACCCTGGC CCAGAACCCC 420
TCAAGCAGAC AGATGTGAAG CTTGAGGATT CCTTCATCTC TTTGCCCAAT GGCATTGTGA 480
TTATTA AACT CTTTTCTGTC TGCAGGGTCG GCCAGACAAG ATGGCGGCAG GAGGCAGTGG 540
CGTTGGTGGG AAGCGCAGTC GAAAAGCGAT GCCGATTCTG GTTTCCTGGG GCTGCGGCC 600
ACTTCGGTGG ACCCAGCGCT GAGGCGGCGG CGGCGAGGCC CAAGAAATAA GAAGCGGGGC 660
TGGCGGCGGC TTGCTCAGGA GCCGCTGGGG CTGGAGGTTG ACCAGTTCCT GGAAGACGTG 720
CGGCTACAGG AGCGCACGAG CGGTGGCTTG TTGTCAGAGG CCCC AATGA AAAACTCTTC 780
TTCGTGGACA CTGGCTCCAA GGAAAAGGG CTGACAAAGA AGAGAACCAA AGTCCAGAAG 840
AAGTCACTGC TTCTCAAGAA ACCCCTTCGG GTTGACCTCA TCCTCGAGAA CACATCCAAA 900
GTCCCTGCCC CCAAAGACGT CCTCGCCCCA CAGGTCCCCA ACGCCAAGAA GCTCAGGCGG 960
AAGGAGCAGC TATGGGAGAA GCTGGCAAG CAGGGCGAGC TGCCCCGGGA GGTGCGCAGG1020
GCCCAGGCC GGCTCCTCAA CCCTTCTGCA ACAAGGGCCA AGCCCGGGCC CCAGGACACC1080
GTAGAGCGGC CCTTCTACGA CCTCTGGGCC TCAGACAACC CCCTGGACAG GCCGTTGGTT1140
GGCCAGGATG AGTTTTCTCT GGAGCAGACC AAGAAGAAAG GAGTGAAGCG GCCAGCACGC1200
CTGCACACCA AGCCGTCCCA GCGCGCCGCC GTGGAGGTGG CGCCTGCCGG AGCTTCCTAC1260
AATCCATCCT TTGAAGACCA CCAGACCCTG CTCTCAGCGG CCCACGAGGT GGAGTTGCAG1320
CGGCAGAAGG AGGCGGAGAA GCTGGAGCGG CAGCTGGCCC TGCCCGCCAC GGAGCAGGCC1380
GCCACCCAGG AGTCCACATT CCAGGAGCTG TGCAAGGGGC TGCTGGAGGA GTCGGATGGT1440
GAGGGGGAGC CAGGCCAGGG CGAGGGGCCG GACGGTGGGG ATGCCGAGGT CTGTCCCACG1500
CCC GCCGCC TGGCCACCAC AGAGAAGAAG ACGGAGCAGC AGCGGCGGCG GGAGAAGGCT1560
GTGCACAGGC TGC GGGTACA GCAGGCCGCG TTGCGGGCCG CCCGGCTCCG GCACCAGGAG1620
CTGTTCCCGC TGCGCGGGAT CAAGGCCCAG GTGGCCCTGA GGCTGGCGGA GCTGGCGCGG1680
CGGCAGAGGC GCGCGCAGGC GCGGCGGGAG GCTGAGGCTG ACAAGCCCCG AAGGCTGGGA1740
CGGCTCAAGT ACCAGGCACC TGACATCGAC GTGCAGCTGA GCTCGGAGCT GACAGACTCG1800
CTCAGGACCC TGAAGCCCGA GGGCAACATC CTTTCGAGACC GGTTCAAGAG CTTCAGAGG1860
AGGAATATGA TCGAGCCTCG AGAGAGAGCC AAGTTC AAAC GCAAGTACAA GGTGAAGCTG1920
GTGGAGAAGC GGGCGTTCG TGAGATCCAG TTGTAGCTGC CATCAGATGC CGGAGACTCG1980
CCCTCAATA AAAAATCTCT TCTAGCTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAGGGCGGCT2040
CGCGATCTAG

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

55  
 60  
 120  
 180  
 240

```

GGTATTCTA AAACATAAAG AGGAGAATTA AGTCAGCTGC AGAACAATGG GGCTGATTCT 60
TCTGCTTTT CTCTGGAAAA TCTTTCATG CTTTGGTGG AAATTTACCT AGAGGTTACA 120
ACCACAGGAT GTAGCTTGGT CTCTTATTTG CCTTTTTGGG AAACCAATTA AGATTAATAC 180
AGGATAAAGG AAAAAAGCAA TCTATTCATT ATATAACACA GTTGTGTTGA TTA CTGTTT 240

```

CCTGCAAAGG AAATCTGTTG AATGCTTGCA TTTTGAATTC TTTTCTAATA GAACAACCAA 300  
 AAAAGGCTTC TTATGGTGCA GCAGGAAAAA AGATCATTTT TATAGCTTTG CATTCTTAAC 360  
 ATAGCATTTA AAGAGCGGCA TGAATTAGAG GAAAGACATG GAACACACAG CATTGCGGTT 420  
 TGAGATCATC GGCTTAAAAG TATCCTAGGA TGGAATGAC CCAGAAGTAT TTCCAGTTGT 480  
 5 CTAGTGGTGT GGTATGCAGG AATGAGAAGT GTTTTCTTTC CATTTCCTGT TGGACAGGTG 540  
 GCAATCTTAG CAGAGCCACT ATTTGGAGTT GATAACTAAA GATGCAAATA ACATGACTAT 600  
 GCCTTCTGGT CATCCTAGGA CTATTTGGAG TTCTCCAAAA CCTTGTAAGA GGCATGTCAG 660  
 GCATGCAGTA AAAGCATCTA CAACTTCAGC TGGGCACTGG CAGCATAGGT CTCATCTTGG 720  
 ACCATACAGT CCCACTTTAT AGAAGAGGGT GGAAGTTCTC CAAAACAATA TCCACAACCA 780  
 10 AGTCTGACCT CACTCTGAGG GAGATGGGAA GTGGGAGGAA GAAGGACTAA CCAGTCCCT 840  
 GGAGTAAGAG GAATTTGCTT TCCCTGTCTG CCCACCAGGG GCTATATGTG CCACCTTTC 900  
 GGTTGGGGCC AAGGAAGTGA TGTCAGTGTG ACAGAAGGGA GAGTTAGACC TCCAGACGTC 960  
 AGCCTCCCTC CCATGGGGTA CATTTTCAAT CTGAGTGTG TTGCCCTTAGC TGTGTTGGTA1020  
 TTAGCTTGAT TGGTTGGTCC GCTGGTTATG AGGTGTAGGG AGGCAGTTTT TGTTTAGTTT1080  
 15 TTAGGACTTT GCCTCTTCTT TTGTCTTAG CATAATTTCT AGGCAGAGCA TCCACGAAGT1140  
 CGGTTTTTCAT TGCCAGCTCA AGAGCGACAA TCAATTTACGA GTTCTTATGT TATGTTAGGT1200  
 GCCTTATGTA TATTATCCCA AATCCACTGC ATGGTTTTAAA TACAGGCACT GGAATATAAA1260  
 TGAAAAAGGT CATTACAGTC ACTGACTTTC TGCAGGACCT TAAACATTTT TCTTTCCACA1320  
 AGTTTCCCTT TAATCATGTG TCAAACCTCT CTTCTGACG GGAATGTTGT GCTATAATGA1380  
 20 ATCTGCATAA CGCTTGGGAT TCTAGGAGGA AGGAAGGTTT CATGGACATG TAAGTACAGC1440  
 ATATTCCTCT CAGTCTTCTA GGAGGGCAGA GTGAATCCCA GAAGTGGTAA GATTGGGAAT1500  
 CTGAGCATTG CCAGCTTAAT CTTAGAATAT TTATCATTTT GACACATCCT GTTTTTTAGA1560  
 GAGGAAAAACA AACACAGTTT CTGCATTGGT AGTGTAAGC ATACCTTGTT AGGAACGTGT1620  
 TTTGTAAGAC ACATTTGGGT TGTCATTCTA GAGCATGTCA AACTTTGTAC TTCAAATAT1680  
 25 ATTTAGTATG ATTTGTTAGTG GTAACATATA TCAAGGCTTT GAATTAAGT TTTTATTTAA1740  
 TTTTCCACAAG AAGCACTTAT TTTAGCCATA GGAAAACCAA TCTGAGCTAC AAATAGTTCT1800  
 TTAAAATAAG CCCAGGTTAT TTAGCTATTC TAGAAAGTGC CGACTTCTTT CAAGAAGCAG1860  
 GCATTGTAGG ACAGCTGAGA ATTATCATC AGCCTAAATT CTAGCCTGGC AGCAAGAGTC1920  
 ACATCTGAGA TGTCCAAAAA AAAAAAAAAA AACACCTGA TCTACATTGA AAGGGGGTAG1980  
 30 ACTAACGTAT GTGAGACCAT TTTCTTATTT GCAGTTACAA GGTTAAAGAA CTTTGAAGAA2040  
 CATTGCGCTG CTAAGAGGCA TGTCGAACAC TCTGTGTGGC TCTTTCACAG TAAACCTCC2100  
 TAAGAGCAGA AGACACATGG CTGTTAGTGT CTGCGTTTAG ATTTAATTTT TCAAATAAAG2160  
 GCCCTGGGCT GCGTATCATT TCATCCAGTT ATAAACTAGG GCTCCTGCAA GCACCCCAT2220  
 TCTAAGGGTG AATTATTGAA ATCAGTTGCT ATTTGATGAG TCACAAGTGG CCCAGCAGGC2280  
 35 AGGGCATTGG AAGTCATGGT CATCAAAAAG AAATGATTGT TTTTGAAGAA GCTAAATGCT2340  
 TAAAATGCTT CTAGAGGGAA GTCGTGGGGC GTGTGCTCAT TCTCTTTAAA ATCAGGGTTG2400  
 TTGAGTTTGT TTTTAAACAT TTTTATAAGT TCATGAGAAA AAATATATAA ATTTAAGAA2460  
 CCAACACTGT ATTCCCAGAA ACATGACCCT CGCTGGTCTT GGGTCCACAT ATCATTTGGAC2520  
 TCTGGGGGAC ACAAAGATGC CTGTGACACT TTGGTGTGCG CGAGTTAGTC AACAAATATT2580  
 40 CTGGGAAAAA GCAGAATTGA ATTCTTCTCT AGATGTCCCTA CCAGGGTTGG CCAAGGGCCA2640  
 CAAAGCAGGC TAATAAATTC CCACAGGATC CAGACACCAG GCAAAATGTC TCTAAGAAGC2700  
 CAGTTACTGT CATCCCTCTA TGGTTCTAGA AAAAAATAGTA CAAAAATGAC AGGTCATCCT2760  
 ATGAGCGTCA TGCCAATGAA ACCCCATCTT CTGGAGAAGC CCTTGAATCA GAATTATCTT2820  
 TTTTCTTGAT GTCGTCAGAT GCAGCCAGTT TCTTAATTTT TTTAAAAACT GTATGTTTCT2880  
 45 GTGGTATGTA TATTTGTACA CCTAACTACC TGGCACTTGG AAATCACAGC ACTACTCAGA2940  
 GGCAATTGAA TAAAGAGAAA TTTAATTTTA AATATCAAGT CCTGTCAAAC ATTTCTCAA3000  
 CTTCTGATTT TATCAAAGGT TTGCCAGCCA ATAAAGTGCA TCCCAAGTAT ACAGGGGAGA3060  
 AAGCTAGACT CCTACAGGGT CCTAGAGTTT AAGTAATTTT TTTGTTATTA ATATAGGTAA3120  
 TAATTTTTCT AATTTTTTAT TTTTGGTTCC AAATGTAAAG CTCCTTGTGT TTACCTGTGT3180  
 50 TTATGTCATT CTTGACATGT TTATCTAAAT TATGTGTGCT CTGTGACAGG TGAAATGTAA3240  
 ATCTGGGATC CATAGTCAAG ATATCATAAG GACCTACTTC CCAGCCTACC TTTCTTCTC3300  
 TACCTGATAA TGATAATACT CAAAATAACA ACATTCAAAG GAAACACAAA GAAATCCTGC3360  
 TTTACATCT CTTATTTCTT GGGCTCCTTA ATAACTACTG ATGGTTTGT CATGAAAAAA3420  
 AATTTTTAAA TCAAAGATT GTACTTGGCC CTGAGTTGAA AAAATTTCAA AAATCAAAG3480  
 55 TTTGTACTTG GCCCTGAGTT GAAAAAAAAT ATTCACTTC TAAGAAATAA CAGAAAAATG3540  
 TTCTTCTTGG AAGTAAATAA CAAAAGCCAT AGTGTTTTCA TTTGTCTTTT CTTCAGGATA3600  
 CACGGTAGAA GTCAGAGAAT CTTTGATACT TTTATTTGGT GCAATAATCA AGGCCATGA3660  
 ACAACCCAAA ATCAAGCATT TTGGTTCAAG TCAGGATGAC ATGAGTGGGG ACAGAAGCTG3720  
 TGGCAGTCAT TCAAATAATC TCATGGGTCC TGAGGAAAAG ACAGGAGTTA ACGTATTAAG3780  
 60 TTTCTACTAT ATGCAGGAAC TGTGTTAAAT ATTTTACATA AGTTTTGATA ATAGCTAACA3840  
 TTAGCTGAGC ACAAATTTG GGCCCTGATT TGTGCTGAGT ATCTTTCACA GATTACTGCT3900  
 TTTAATCAGC AGTCCTTGAG AGCTAGGTAT GATCATTATC CCCATTTATA GATTACGGAT3960  
 GAGATTCC 3968



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 329 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

20 DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60  
 VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVG120  
 APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180  
 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLOGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240  
 25 LGLLHLLLGE GLLLEVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300  
 SSPSFSGSAS DSFSDLMLLS LAGSFTSSW 329

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

45 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEPSPGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQ1 60  
 TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGS120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEHEELGE180  
 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCV240  
 50 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

15 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTORRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GRRRRRRGRR180  
GAGGRRPAA REQPRRARAA GDHRGVGRRR GGQERQRLSG PRCHPPHSSL LPNFLFRILS240  
RLELAEIFLN 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

40 RPRPWFSQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRCAGN WVSLPSGEKP RLWDEDRAPE 60  
REGKVP GCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPSPSSH120  
HPFRSARAFP EASCDGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180  
LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60  
 QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120  
 10 SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRHL HHPLGQGWLRL GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LGSRRQKGP GRMTAQAALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60  
 REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120  
 30 SACHALTTLP FQPPFPFERS GLPRSVL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

35

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

QRTFVCLMRA TWVKKLPVNS HHFCPSLGNT FRGQFPKILL KKEFWFCLTL PDEISQRLGP 60  
 RLSSAYCYTI RLFLLSLIVC NAVTFSECCG DRNMGEKQSG 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

RMRFPCVLS QXPQSSQFLL LLCQNPLPLC SYSNLDNGWI SYSPSHRIKL PLSLNQHHFH60  
VTQIVSLPCS YLRNTLKK 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

FLRPVKNEIP XLCPEXSTE FTVSTVTVSE SSSTVLILKS RQRMDQLQPF PQNQVAFP 58

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 728 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

GAACEAETAS SGRASQPAG MATTAELFEE PFVADEYIER LVWRTPGGGS RGGPEAFDPK 60  
 RLLEEFVNIH QELQIMDERI QRKVEKLEQQ CQKEAKEFAK KVQELQKSNQ VAFQHFQELD120  
 EHISYVATKV CHLGDQLEGV NTPRQRAVEA QKLMKYFNEF LDGELKSDVF TNSEKIKEAA180  
 10 DIIQKLHLIA QELPFDRFSE VKSKIASKYH DLECQLIQEF TSAQRRGEIS RMREVAAVLL240  
 HFKGYSHCVD VYIKQCQEGA YLRNDIFEDA GILCQRVNKQ VGDIFSNPET VLAKLIQNVF300  
 EIKLQSFVKE QLEECRKSDA EQYLKNLYDL YTRTTNLSSK LMEFNLGTDK QTFLSKLIKS360  
 IFISYLENYI EVETGYLKS SRAMILQRYD SKNHQKRSIG TGGIQDLKER IRQRTNPLG420  
 PSIDTHGETF LSQEVVNNLL QETKQAFERC HRLSDPSDLP RNAFRIFTIL VEFLCIEHID480  
 15 YALETGLAGI PSSDSRNANL YFLDVVQQAN TIFHLFDKQF NDHLMPLISS SPKLSECLQK540  
 KKEIIEQMEM KLDTGIDRTL NCMIGQMKHI LAEQKKTDF KPEDENNVLI QYTNACVKVC600  
 AYVRKQVEKI KNSMDGKNVD TVLMELGVRF HRLIYEHLRQ YSYSCMGML AICDVAEYRK660  
 CAKDFKIPMV LHLFDLTHAL CNLLVVAPDN LKQVCSGEQL ANLDMNILHS FVQLRADYRS720  
 ARLARHFS 728

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 25 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

RKELDSVPTY HLGQVSILMG RLFYPPKKWWL IFYKPKNKPL KDVIKSLILL TYQGMPSSEFL 60  
 40 PFLWNFYVLS ILIMLWKQDL LEFPLQILGM QIFIFWTLN RPILFFIFLT NSLMITLCH 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
 45 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

5 YHWNLEVEFGT LPIFGYITNC QHATHTTVGI LSKMLIDKSM KTYSKFHQNC IHILPIHGIF 60  
 NLLHLFSYVS TDFYTGISIL NQNIVFIFWL KICELLFCSQ NMLHLSNHTI 110

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

10 (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

25 AAQAEAAADR AAAAGGGGRR HCEERGEAAAQ GEPQHELAGH AALHAAPARD HPQAGQRVGA 60  
 LPAGEQDPEP DSRHAAAGQQ VQGPGAQVPA PGHTGQPPIR DHRAVEEHCQ RVPSARPVPQ120  
 XPPAAPPVY QPPTYNRIIN QISTNEIQSD QNLKVLPPPL PTMPTLTSLP SSTDKPSGPW180  
 30 RDCLQALEDG HDTSSIYLVK PENTNRLMQV WCDQRHDPGG WTVIQRRLDG SVNFFRNWET240  
 YKQGFGNIDG EYWLGLENIY WLTNQGNYKL LVTMEDWSGR KVFAEYASFR LEPSEYYKL300  
 RLGRYHGNAG DSFTWHNGKQ FTTLDRDHDV YTGNCAYQK GGWWYNACAH SNLNGVWYRG360  
 GHYRSRYQDG VYWAEFRGGS YSLKKVMMI RPNPNTFH 398

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

35 (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60  
 ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120  
 PVNVLQAQPV FAINVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGV180

RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240  
 LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG XLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300  
 YLLASCSMSA VWFRILFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- (A) LÄNGE: 260 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

ILFTKNNHHF ARTMRPLCVT CWWLGLLAAM GAVAGQEDGF EGTEEGSPRE FIYLNRYKRA 60  
 GESQDKCTYT FIVPQQRVTG AICVNSKEPE VLENRVHKQ ELELLNNELL KQKRQIETLQ120  
 QLVEVDGGIV SEVKLLRKES RNMNSRVTLQ YMQLLHEIIR KRDNALLESQ LENRILNQTA180  
 DMLQLASKYK DLEHKYQHLA TLAHNQSEII AQLRSTARGC PRPGPSPXP PLPRPGSTNH240  
 PPTTASSTRS LPTRSRVTRT 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 491 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

LLNSFSAAGS ARQDGGRRQW RWWEAQSKSD ADSGFLGLRP TSVDPALRRR RRGPRNKKRG 60  
 WRRLAQEPLG LEVDQFLEDV RLQERTSGGL LSEAPNEKLF FVDTGSKEKG LTKKRTKVQK120  
 KSLLLKPLR VDLILENTSK VPAPKDVLAH QVPNAKKLRR KEQLWEKLAK QGELPREVRR180  
 AQARLLNPSA TRAKPGPQDT VERPFYDLWA SDNPLDRPLV QDEFFLEQT KKKGVKRPAR240  
 LHTKPSQAPA VEVAPGASY NPSFEDHQTLSAAHEVELQ RQKEAEKLER QLALPATEQA300  
 ATQESTFQEL CKGLLEESDG EGEPGQEGP DGGDAEVCPT PARLATTEKK TEQORRREKA360  
 VHRLRVQQA LRAARLRHQE LFPLRGIKAQ VALRLAELAR RQRRRQARRE AEADKPRRLG420  
 RLKYQAPDID VQLSSELTDS LRTLKPEGNI LRDRFKSFQR RNMIEPRERA KFKRKYKVKL480  
 VEKRAFREIQ L 491

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- 5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

20 RSRAALFFLF FFFSARRDFL LKGESPASDG SYNWISRNAR FSTSFTLYLR LNLALSRGSI 60  
 IFLLWKLLNR SRRMLPSGFR VLSEVSSEL SCTSMGAWY LSRPSLRGLS ASASRRACRR120  
 LCRRASSASL RATWALI PRS GNSSWCRSRA ARNAACTRS LCTAFSRRRC CSVFFSVVAR180  
 RAGVGQTSAS PPSGSPWPG SPSPSDSSSS PLHSSWNVDS WVAACSVAGR ASCRSSFSAS240  
 25 FCRCNSTSWA AESRVWSSK DGL 263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 30 (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

45 WQLQLDLTER PLLHQHLVL AFELGSL SRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60  
 AQLHVDVRL VLEPSQPSGL VLSLPPRLP PPLPPRLRQ PQHGLGDP A QREQLLVPEP120  
 GGPQRGLLYP QPVHSLPPP LLLRLLCGG QAGRGTDLG IPTVRPLALA WLPLTIRLLQ180  
 QPLAQLLECG LLGGLLRGG QGQLPLQLL LLLPLQLHLV GR 222

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- 50 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCFGM YICTPNYLAL 60  
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60  
TGHMPSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILFGAI IKAMQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60  
NLMGPEEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

5

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend  
5
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-20 und  
Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-  
Sequenzen  
oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten  
Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No 1-20 und  
Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, oder eine komplementäre oder allelische Variante  
davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127,  
dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre  
chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-62  
Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch  
gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen  
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch  
gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen  
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6  
genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß  
sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch  
gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50  
bis 4500 bp aufweist.

- 5
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nucleinsäuren der Sequenzen Seq. ID Nos. 1-62 und Seq. ID Nos. 121 - 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

15 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151.

20 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.

35 28. Verwendung der Nucleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

40 29. Verwendung der Nucleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20 und Seq. ID Nos. 121 - 127 in sense oder antisense Form.

45 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Uterustumor.

50

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

5

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.

10

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

15

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

20

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq. ID No. 127.

25

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

30

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

35

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

40

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

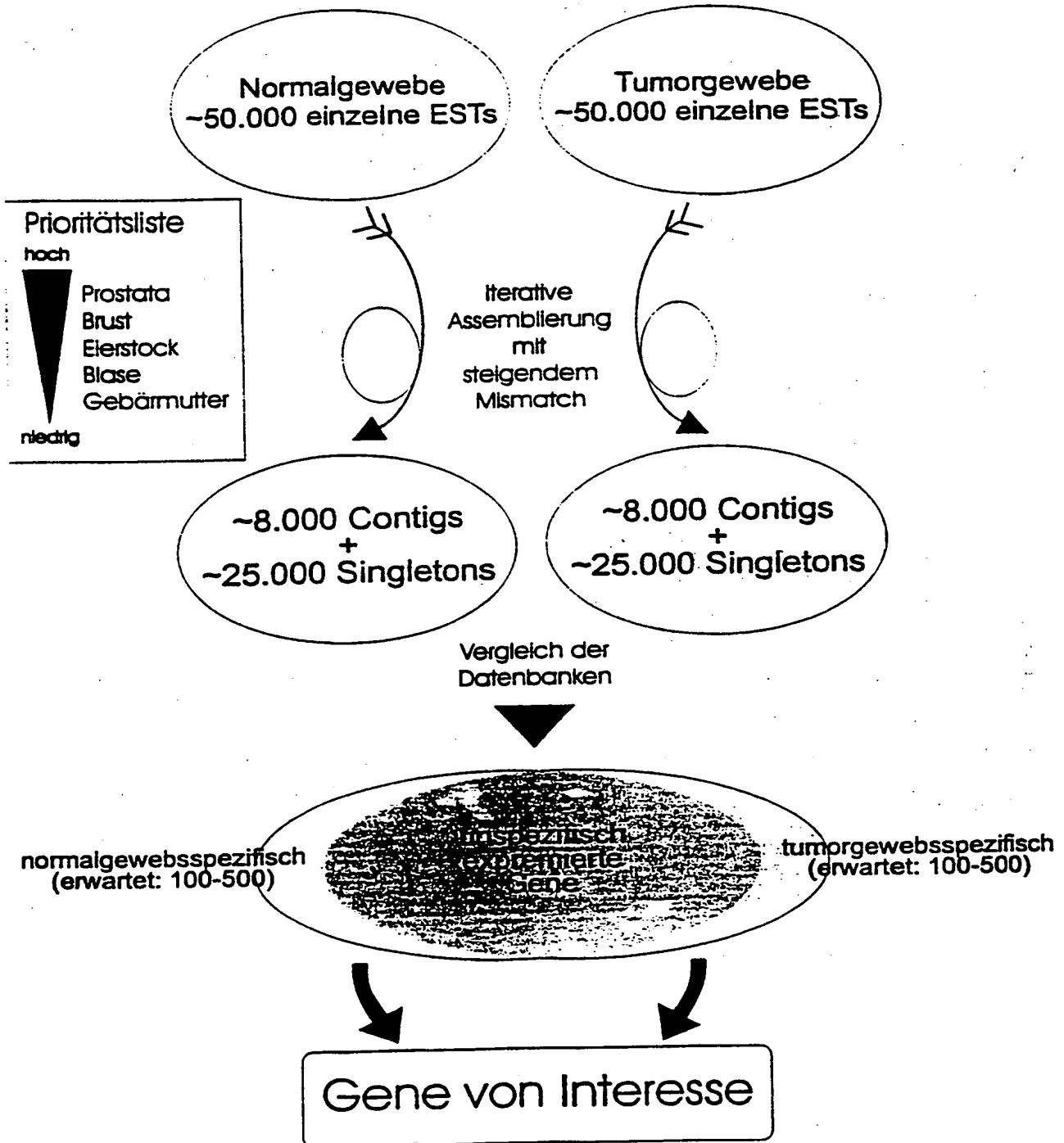


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe

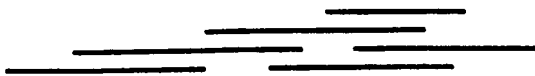


Assemblierung bei 0% Mismatch mit GAP4 (Staden)

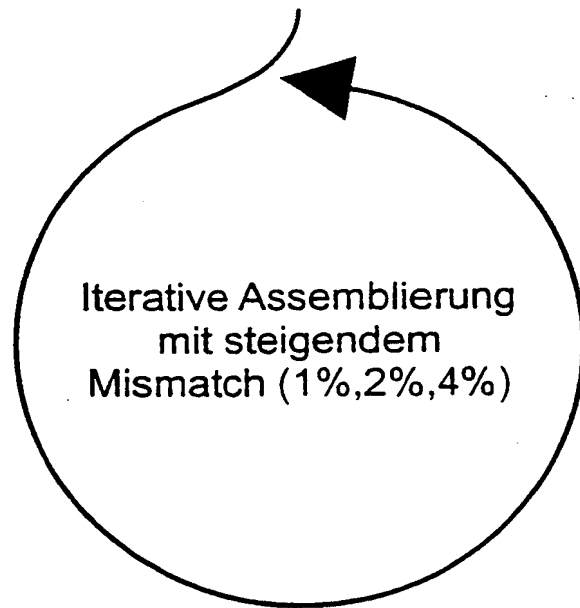


Contigs

Singletons



In Anzahl und Länge zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung mit steigendem Mismatch (1%,2%,4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensussequenzen pro Gewebe

Fig. 2a



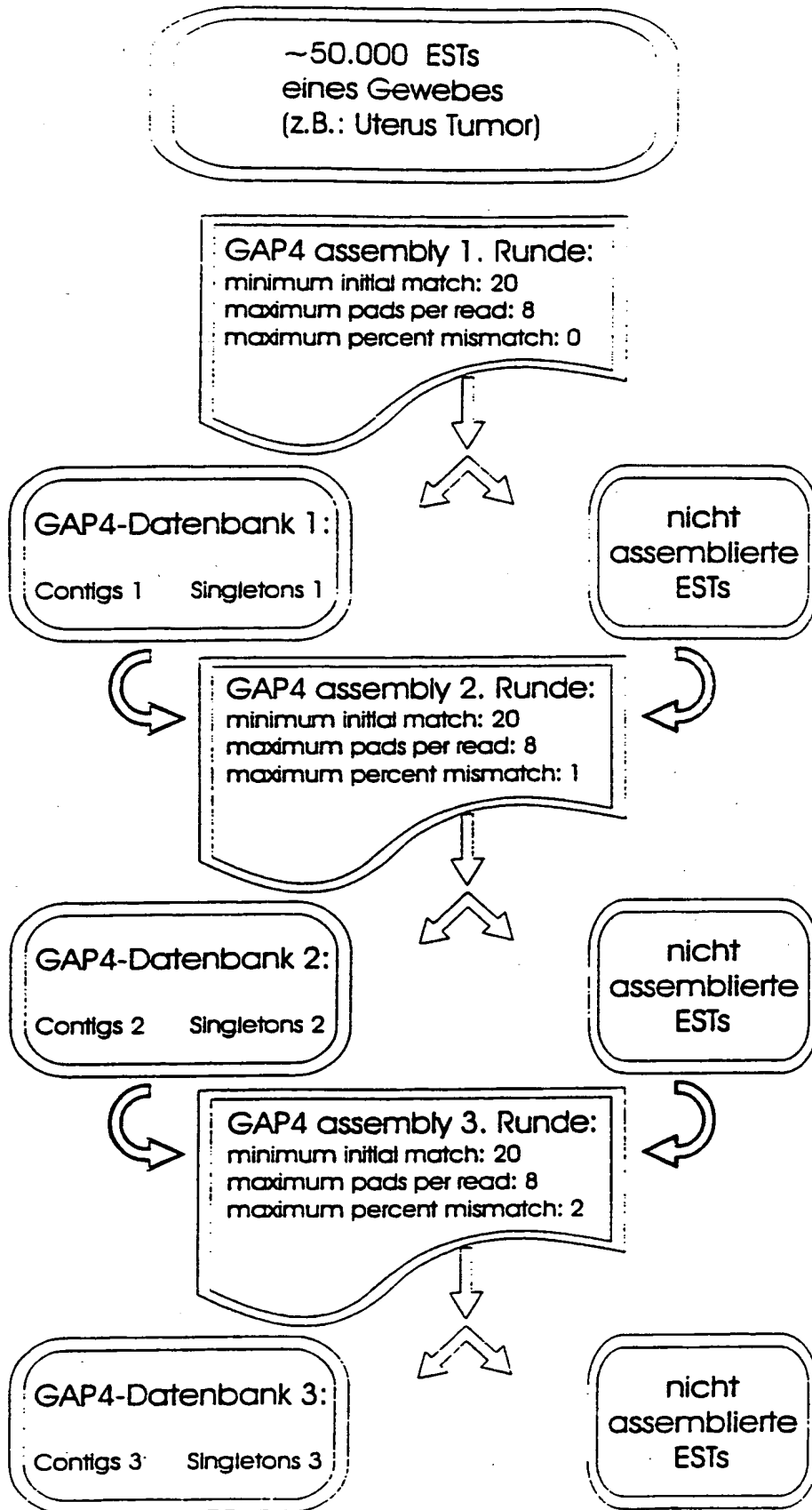


Fig. 2b1

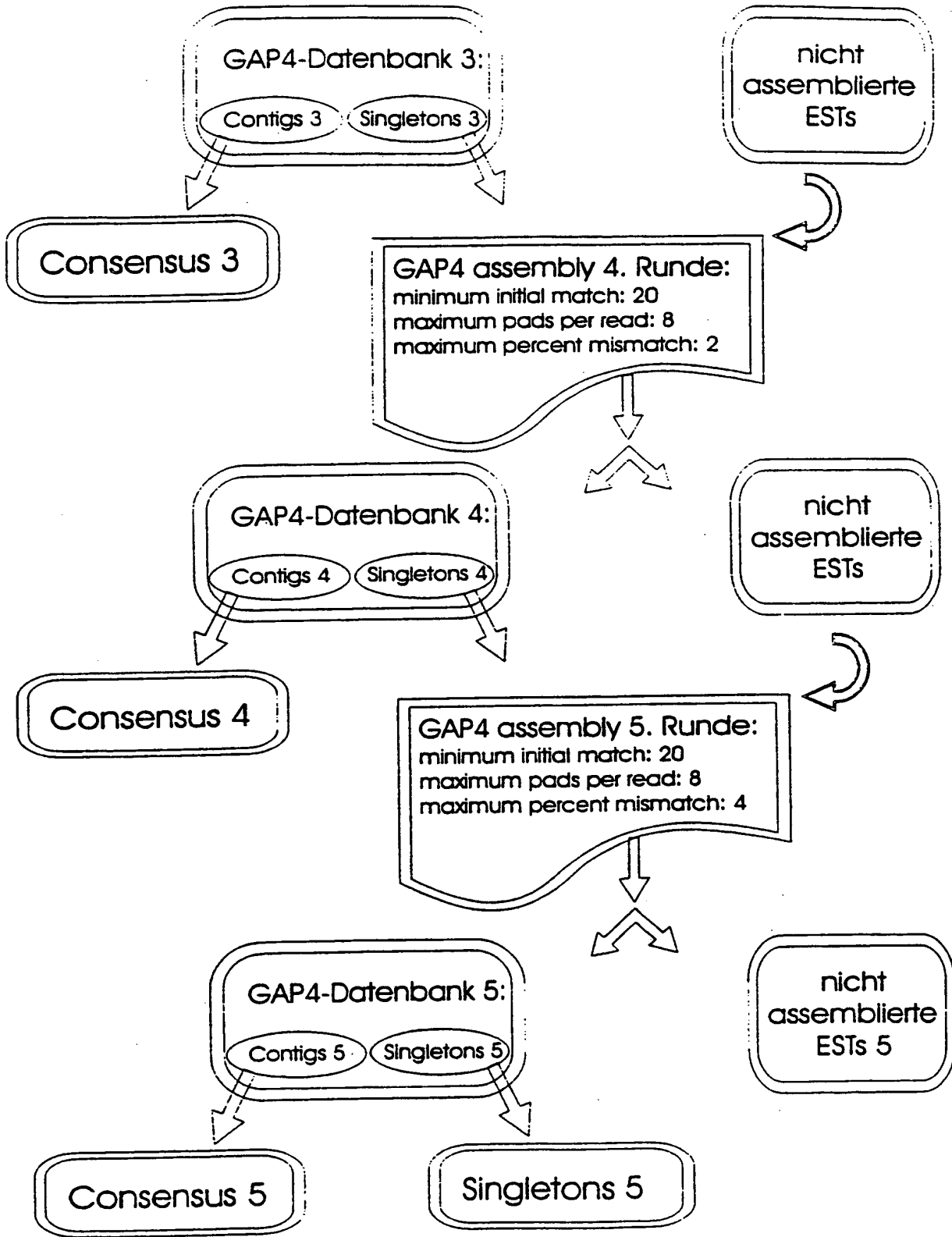
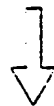
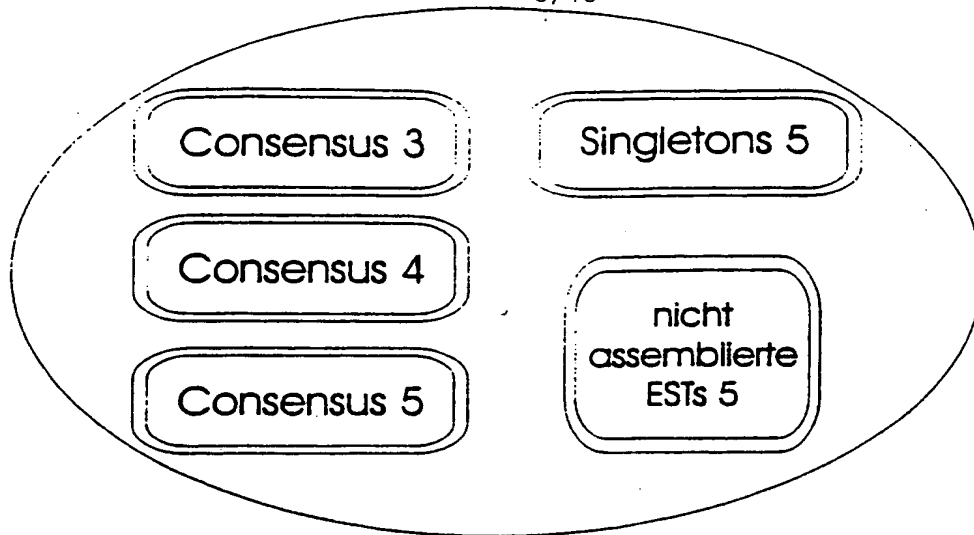
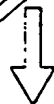


Fig. 2b2

5/10



GAP4 assembly 6. Runde:  
minimum initial match: 20  
maximum pads per read: 8  
maximum percent mismatch: 4



assemblierte Datenbank  
eines spezifischen Gewebes  
(z.B.: Uterus Tumor)

Fig. 2b3

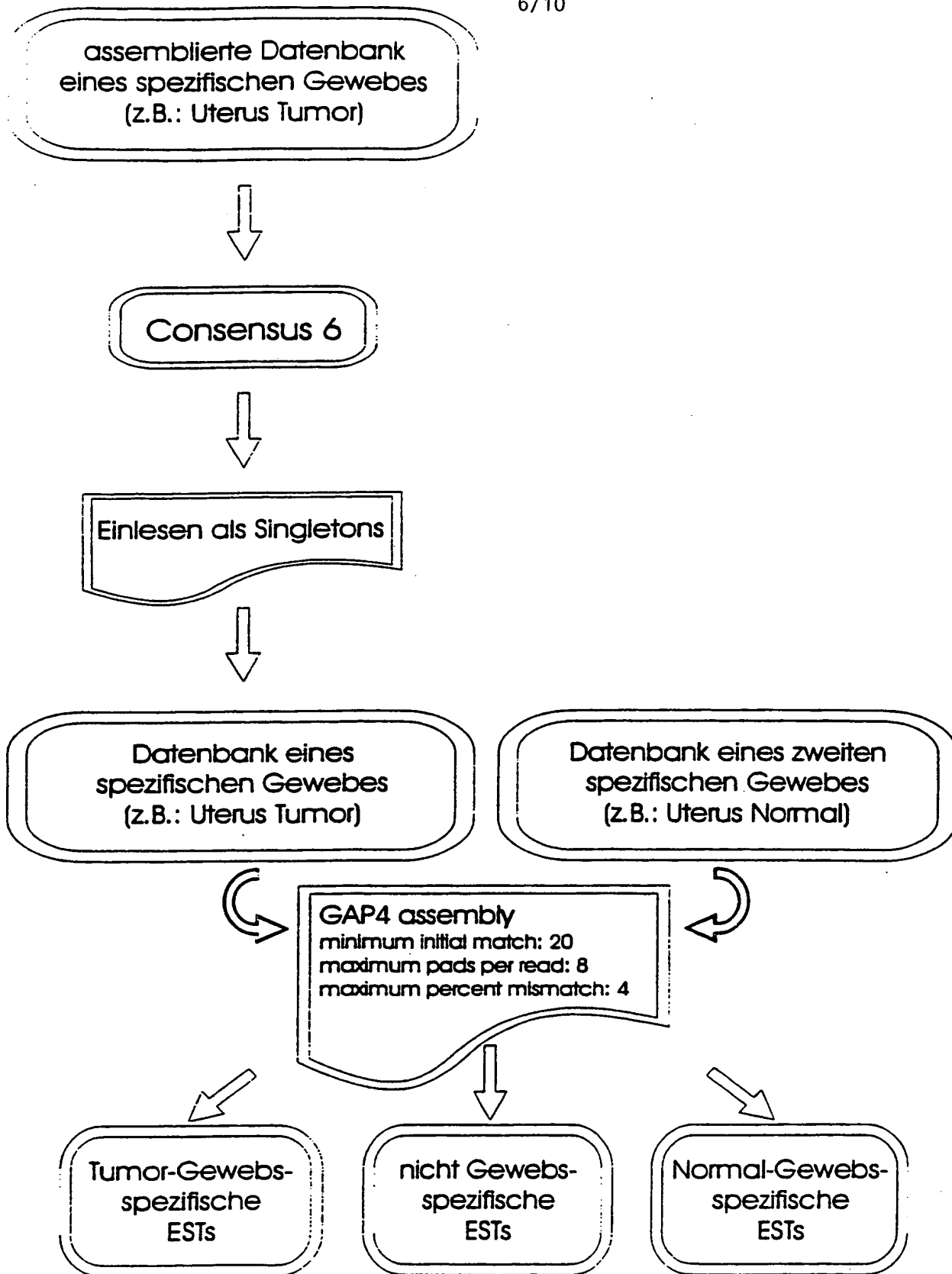


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

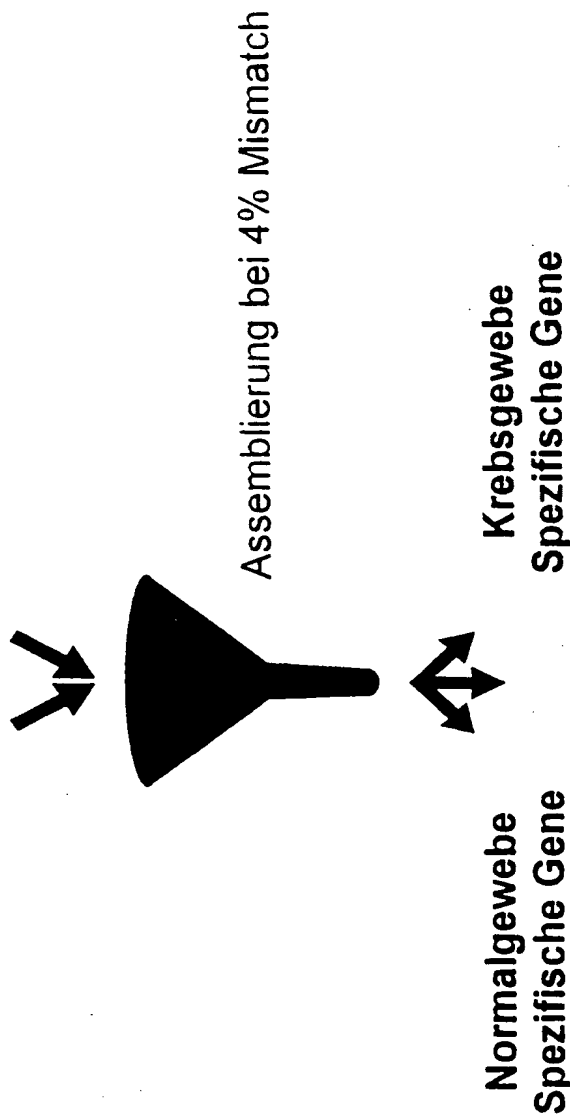


Fig. 3

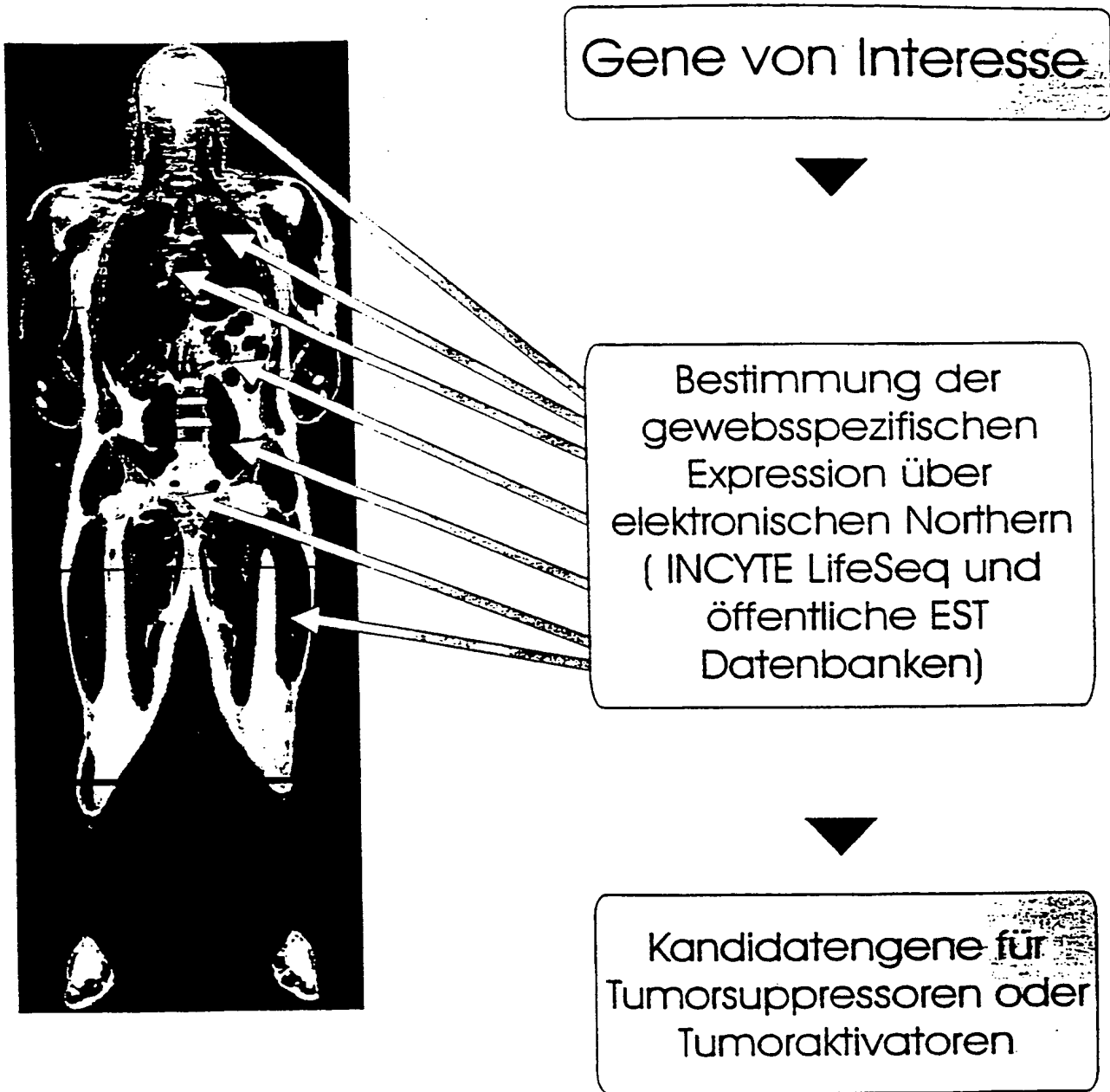


Fig. 4a

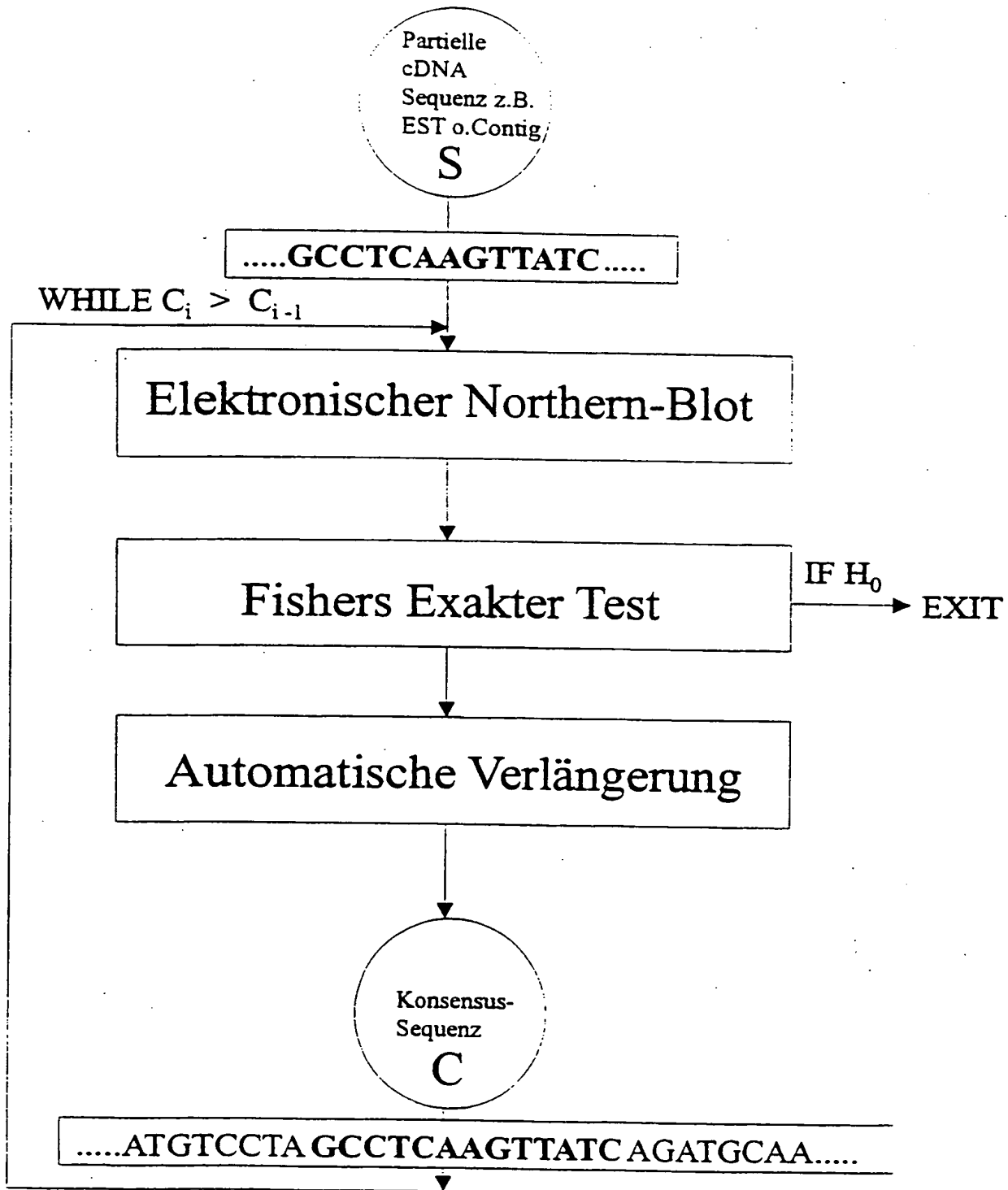


Fig. 4b

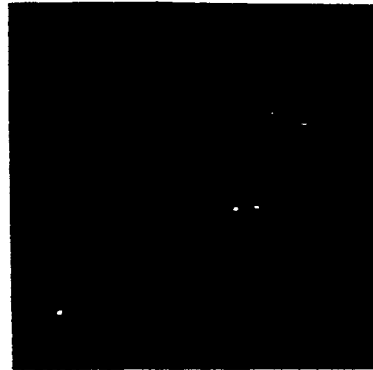
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5



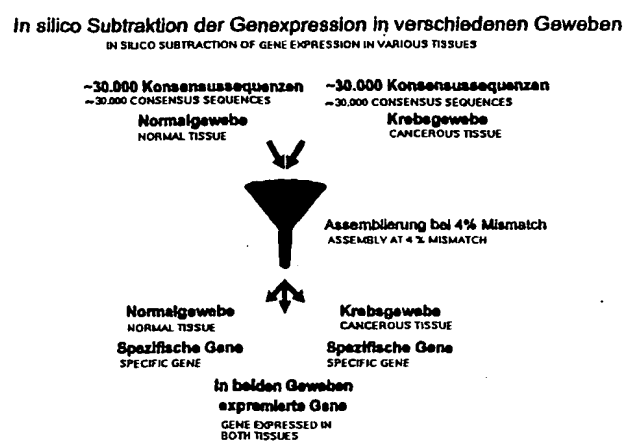


|                                                                                                                                                                                             |           |                                                                                                                                                               |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>(51) Internationale Patentklassifikation<sup>6</sup> :</b><br>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10,<br>15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68,<br>A61K 38/17, 48/00 | <b>A3</b> | <b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> <b>WO 99/54353</b><br><br><b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 28. Oktober 1999 (28.10.99) |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01175<br><b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 15. April 1999 (15.04.99)<br><br><b>(30) Prioritätsdaten:</b><br>198 17 946.4      17. April 1998 (17.04.98)      DE<br><br><b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-<br>GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG<br>MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).<br><br><b>(72) Erfinder; und</b><br><b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE];<br>Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,<br>Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).<br>SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,<br>D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];<br>Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig<br>(DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse<br>6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];<br>Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE). | <b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE,<br>CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC,<br>NL, PT, SE).<br><br><b>Veröffentlicht</b><br><i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i><br><br><b>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenber-</b><br><b>ichts:</b> 20. Juli 2000 (20.07.00) |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

**(54) Title:** HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE

**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE



**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

**(57) Zusammenfassung**

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

**LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

|    |                              |    |                                   |    |                                                 |    |                                |
|----|------------------------------|----|-----------------------------------|----|-------------------------------------------------|----|--------------------------------|
| AL | Albanien                     | ES | Spanien                           | LS | Lesotho                                         | SI | Slowenien                      |
| AM | Armenien                     | FI | Finnland                          | LT | Litauen                                         | SK | Slowakei                       |
| AT | Österreich                   | FR | Frankreich                        | LU | Luxemburg                                       | SN | Senegal                        |
| AU | Australien                   | GA | Gabun                             | LV | Lettland                                        | SZ | Swasiland                      |
| AZ | Aserbaidsschan               | GB | Vereinigtes Königreich            | MC | Monaco                                          | TD | Tschad                         |
| BA | Bosnien-Herzegowina          | GE | Georgien                          | MD | Republik Moldau                                 | TG | Togo                           |
| BB | Barbados                     | GH | Ghana                             | MG | Madagaskar                                      | TJ | Tadschikistan                  |
| BE | Belgien                      | GN | Guinea                            | MK | Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien | TM | Turkmenistan                   |
| BF | Burkina Faso                 | GR | Griechenland                      |    |                                                 | TR | Türkei                         |
| BG | Bulgarien                    | HU | Ungarn                            | ML | Mali                                            | TT | Trinidad und Tobago            |
| BJ | Benin                        | IE | Irland                            | MN | Mongolei                                        | UA | Ukraine                        |
| BR | Brasilien                    | IL | Israel                            | MR | Mauretanien                                     | UG | Uganda                         |
| BY | Belarus                      | IS | Island                            | MW | Malawi                                          | US | Vereinigte Staaten von Amerika |
| CA | Kanada                       | IT | Italien                           | MX | Mexiko                                          |    |                                |
| CF | Zentralafrikanische Republik | JP | Japan                             | NE | Niger                                           | UZ | Usbekistan                     |
| CG | Kongo                        | KE | Kenia                             | NL | Niederlande                                     | VN | Vietnam                        |
| CH | Schweiz                      | KG | Kirgisistan                       | NO | Norwegen                                        | YU | Jugoslawien                    |
| CI | Côte d'Ivoire                | KP | Demokratische Volksrepublik Korea | NZ | Neuseeland                                      | ZW | Zimbabwe                       |
| CM | Kamerun                      |    |                                   | PL | Polen                                           |    |                                |
| CN | China                        | KR | Republik Korea                    | PT | Portugal                                        |    |                                |
| CU | Kuba                         | KZ | Kasachstan                        | RO | Rumänien                                        |    |                                |
| CZ | Tschechische Republik        | LC | St. Lucia                         | RU | Russische Föderation                            |    |                                |
| DE | Deutschland                  | LI | Liechtenstein                     | SD | Sudan                                           |    |                                |
| DK | Dänemark                     | LK | Sri Lanka                         | SE | Schweden                                        |    |                                |
| EE | Estland                      | LR | Liberia                           | SG | Singapur                                        |    |                                |

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern: al Application No  
PCT/DE 99/01175

|                                            |           |           |           |           |          |
|--------------------------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|----------|
| <b>A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER</b> |           |           |           |           |          |
| IPC 6                                      | C12N15/12 | C07K14/47 | C07K16/18 | C12N1/21  | C12N5/10 |
|                                            | C12N15/10 | C12N15/62 | C12N15/70 | C12N15/79 | C12Q1/68 |
|                                            | G01N33/68 | A61K38/17 | A61K48/00 |           |          |

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

|                                                                                                                   |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>B. FIELDS SEARCHED</b>                                                                                         |
| Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)<br>IPC 6 C12N C07K C12Q |

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

|                                                                                                                            |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used) |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

| C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT |                                                                                                                                                                                                      |                                               |
|----------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------|
| Category *                             | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                   | Relevant to claim No.                         |
| X                                      | HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project - unpublished"<br>EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,<br>7 September 1996 (1996-09-07), XP002129529<br>heidelberg, germany<br>accession no.AA044253<br>--- | 1,2,<br>5-10,14,<br>15,23,<br>24,26,<br>34,38 |
| X                                      | HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997"<br>EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,<br>14 May 1997 (1997-05-14), XP002129530<br>heidelberg, germany<br>accession no.AA418945<br>---               | 1,2,<br>5-10,14,<br>15,23,<br>24,26,<br>34,38 |
|                                        | -/--                                                                                                                                                                                                 |                                               |

Further documents are listed in the continuation of box C.       Patent family members are listed in annex.

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <p>* Special categories of cited documents :</p> <p>*A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance</p> <p>*E* earlier document but published on or after the international filing date</p> <p>*L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)</p> <p>*O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means</p> <p>*P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed</p> | <p>*T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention</p> <p>*X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone</p> <p>*Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.</p> <p>*&amp;* document member of the same patent family</p> |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

|                                                                                         |                                                                             |
|-----------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|
| Date of the actual completion of the international search<br><br><b>3 February 2000</b> | Date of mailing of the international search report<br><br><b>08.05.2000</b> |
|-----------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|

|                                                                                                                                                                                        |                                             |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------|
| Name and mailing address of the ISA<br>European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2<br>NL - 2280 HV Rijswijk<br>Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,<br>Fax: (+31-70) 340-3016 | Authorized officer<br><br><b>Holtorf, S</b> |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------|

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01175

| C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT |                                                                                                                                                                                                                                                                             |                                               |
|------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------|
| Category *                                           | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                                                                                          | Relevant to claim No.                         |
| X                                                    | HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997"<br>EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,<br>11 June 1997 (1997-06-11), XP002129531<br>heidelberg, germany<br>accession no. AA451994<br>---                                                                                    | 1,2,<br>5-10,14,<br>15,23,<br>24,26,<br>34,38 |
| A                                                    | CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of differentially expressed mRNAs in normal and neoplastic (adenocarcinoma) human endometrium"<br>GYNECOLOGIC ONCOLOGY,<br>vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036<br>the whole document<br>---                 | 1-38                                          |
| A                                                    | WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.:<br>"characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism"<br>MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY,<br>vol. 101, 1994, pages 101-110, XP000874034<br>the whole document<br>---             | 1-38                                          |
| A                                                    | WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ;CHENCHIK ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L)<br>9 December 1993 (1993-12-09)<br>the whole document<br>---                                                                                                                             | 1-38                                          |
| A                                                    | BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program"<br>NUCLEIC ACIDS RESEARCH.,<br>vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627<br>ISSN: 0305-1048<br>cited in the application<br>the whole document<br>---                                                                    | 1-38                                          |
| A                                                    | SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR"<br>GENOME RESEARCH.,<br>vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628<br>ISSN: 1088-9051<br>cited in the application<br>the whole document<br>---                                                                           | 1-38                                          |
| A                                                    | FA: N M R: "Gene expression in normal and disease states - identification of therapeutic targets"<br>TRENDS IN BIOTECHNOLOGY,GB,ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE,<br>vol. 14, no. 8,<br>1 August 1996 (1996-08-01), pages 294-298,<br>XP004035748<br>ISSN: 0167-7799<br>--- | 1-38                                          |

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern: al Application No

PCT/DE 99/01175

| C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                        |
|------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------|
| Category *                                           | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                                                                                                 | Relevant to claim No.                  |
| P,X                                                  | JANSA,P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes"<br>THE EMBO JOURNAL,<br>vol. 17, no. 10, 15 May 1998 (1998-05-15),<br>pages 2855-2864, XP002129532<br>the whole document | 1,2,<br>5-20,23,<br>24,26,<br>29,34,38 |
| E                                                    | WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04)<br>see SEQID 63<br>page 71                                                                                                                                         | 1-26,29,<br>32-38                      |
| T                                                    | SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues."<br>NUCLEIC ACID RESEARCH,<br>vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11),<br>pages 4251-4260, XP002129533<br>the whole document                             | 1-38                                   |

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01175

## Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1.  Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
  
2.  Claims Nos.:  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
  
3.  Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

## Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1.  As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2.  As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3.  As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4.  No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

see Invention 1.

### Remark on Protest

- The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- No protest accompanied the payment of additional search fees.

The International Search Authority found that this international application contains multiple inventions as follows :

**Invention No. 1 : Claims Nos. 1-38 (all in part)**

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 1, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the SEQ ID 1 sequence. Polypeptide (partial) sequences relating to SEQ IDs 63-65 (table 2) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide (partial) sequence relating to SEQ IDs 63-65.

**Inventions Nos. 2-27 : Claims Nos 1-38 (all in part)**

As for Invention No. 1 but relating to nucleic acid sequences SEQ IDs 2-20 and 121-127 and the corresponding polypeptide partial sequences as described in table 2 or in the sequence protocol.

**Inventions Nos. 28-69 : Claims Nos. 3,4, 5-22, 28-38 (all in part)**

Nucleic acid sequences respectively relating to SEQ IDs 21-62 ; BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, , in addition to a host cell containing this sequence. . Uses of said nucleic acid sequences and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the sequences according to SEQ ID 21-62.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/01175

| Patent document cited in search report | Publication date | Patent family member(s)      | Publication date         |
|----------------------------------------|------------------|------------------------------|--------------------------|
| WO 9324655 A                           | 09-12-1993       | EP 0642590 A<br>US 5665544 A | 15-03-1995<br>09-09-1997 |
| WO 9955858 A                           | 04-11-1999       | DE 19820190 A                | 04-11-1999               |



INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen  
PCT/DE 99/01175

| <b>A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------|
| C12N15/12                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | C07K14/47                                                                                                                                                                                    | C07K16/18                                                      |
| C12N15/10                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | C12N15/62                                                                                                                                                                                    | C12N15/70                                                      |
| G01N33/68                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | A61K38/17                                                                                                                                                                                    | A61K48/00                                                      |
| C12N1/21                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | C12N5/10                                                                                                                                                                                     |                                                                |
| C12N15/79                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | C12Q1/68                                                                                                                                                                                     |                                                                |
| Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| <b>B. RECHERCHIERTE GEBIETE</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| Recherchiertes Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| IPC 6 C12N C07K C12Q                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| Recherchierte, aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| <b>C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| Kategorie*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile                                                                                           | Betr. Anspruch Nr.                                             |
| X                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                | HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project - unpublished"<br>EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,<br>7 September 1996 (1996-09-07), XP002129529<br>heidelberg, germany<br>beitritt no.AA044253 | 1,2,<br>5-10,14,<br>15,23,<br>24,26,<br>34,38                  |
| X                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                | HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997"<br>EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,<br>14 Mai 1997 (1997-05-14), XP002129530<br>heidelberg, germany<br>beitritt no.AA418945               | 1,2,<br>5-10,14,<br>15,23,<br>24,26,<br>34,38                  |
| ---                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |                                                                                                                                                                                              | -/--                                                           |
| <input checked="" type="checkbox"/> Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                                                                                                                                              | <input checked="" type="checkbox"/> Siehe Anhang Patentfamilie |
| <p>* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen:</p> <p>"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist</p> <p>"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist</p> <p>"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)</p> <p>"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht</p> <p>"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist</p> <p>"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist</p> <p>"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden</p> <p>"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist</p> <p>"&amp;" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist</p> |                                                                                                                                                                                              |                                                                |
| Datum des Abschlusses der internationalen Recherche                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |                                                                                                                                                                                              | Absenddatum des internationalen Recherchenberichts             |
| 03 Februar 2000 (03.02.00)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |                                                                                                                                                                                              | 08 Mai 2000 (08.05.00)                                         |
| Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |                                                                                                                                                                                              | Bevollmächtigter Bediensteter                                  |
| Telefaxnr.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |                                                                                                                                                                                              | Telefonnr.                                                     |

| C (Fortsetzung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN |                                                                                                                                                                                                                                                                               |                                               |
|-------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------|
| Kategorie*                                            | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile                                                                                                                                                                            | Betr. Anspruch Nr.                            |
| X                                                     | HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997"<br>EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,<br>11 Juni 1997 (1997-06-11), XP002129531<br>heidelberg, germany<br>beitritt no. AA451994                                                                                              | 1,2,<br>5-10,14,<br>15,23,<br>24,26,<br>34,38 |
| A                                                     | ---<br>CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of differentially expressed mRNAs in normal and neoplastic (adenocarcinoma) human endometrium"<br>GYNECOLOGIC ONCOLOGY,<br>vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036<br>das ganze dokument                   | 1-38                                          |
| A                                                     | ---<br>WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.:<br>"characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism"<br>MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY,<br>vol. 101, 1994. Seiten 101-110, XP000874034<br>das ganze dokument              | 1-38                                          |
| A                                                     | ---<br>WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ;CHENCHIK ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L)<br>9 Dezember 1993 (1993-12-09)<br>das ganze dokument                                                                                                                               | 1-38                                          |
| A                                                     | ---<br>BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program"<br>NUCLEIC ACIDS RESEARCH.,<br>vol. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627<br>ISSN: 0305-1048<br>zitiert im application<br>das ganze dokument                                                                       | 1-38                                          |
| A                                                     | ---<br>SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR"<br>GENOME RESEARCH.,<br>vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628<br>ISSN: 1088-9051<br>zitiert im application<br>das ganze dokument                                                                               | 1-38                                          |
| A                                                     | ---<br>FANNON M R: "Gene expression in normal and disease states - identification of therapeutic targets"<br>TRENDS IN BIOTECHNOLOGY,GB,ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE,<br>vol. 14, no. 8,<br>1 August 1996 (1996-08-01), Seiten 294-298,<br>XP004035748<br>ISSN: 0167-7799 | 1-38                                          |
|                                                       | ---                                                                                                                                                                                                                                                                           | -/--                                          |

## INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

## C (Fortsetzung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

| Kategorie* | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile                                                                                                                                                                                                                                         | Betr. Anspruch Nr.                                                                |
|------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------|
| P,X        | <p>JANSA,P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes"<br/>           THE EMBO JOURNAL,<br/>           vol. 17, no. 10, 15 Mai 1998 (1998-05-15),<br/>           seiten 2855-2864, XP002129532<br/>           das ganze dokument</p> | <p>1,2,<br/>           5-20,23,<br/>           24,26,<br/>           29,34,38</p> |
| E          | <p>WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04)<br/>           siehe SEQID 63<br/>           seite 71</p>                                                                                                                                                               | <p>1-26,29,<br/>           32-38</p>                                              |
| T          | <p>SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues."<br/>           NUCLEIC ACID RESEARCH,<br/>           vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11),<br/>           seiten 4251-4260, XP002129533<br/>           das ganze dokument</p>                             | <p>1-38</p>                                                                       |

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

## Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1.  Ansprüche Nr. \_\_\_\_\_  
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
  
2.  Ansprüche Nr. \_\_\_\_\_  
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
  
3.  Ansprüche Nr. \_\_\_\_\_  
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

## Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1.  Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
  
2.  Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
  
3.  Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr. \_\_\_\_\_
  
4.  Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:  
  
siehe Erfindung 1.

### Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

**Erfindung 1: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)**

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 1 Sequenz kodiert wird. Polypeptid(teil)sequenzen sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid(teil)sequenz sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65.

**Erfindungen 2 bis 27: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)**

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 2-20 und 121-127 den korrespondierenden Polypeptid(teil)sequenzen wie in der Tabelle 2 oder dem Sequenzprotokoll beschrieben.

**Erfindungen 28 bis 69: Ansprüche 3,4,5-22,28-38 (alle teilweise)**

Nukleinsäuresequenzen sich respectiv beziehend auf SEQ IDs 21-62; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenzen enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenzen und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von den Sequenzen gemäss SEQ ID 21-62 kodiert wird.

**INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT**  
Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen  
PCT/DE 99/01175

| Im Recherchenbericht<br>angeführtes Patentdokument | Datum der<br>Veröffentlichung | Mitglied(er) der<br>Patentfamilie  | Datum der<br>Veröffentlichung |
|----------------------------------------------------|-------------------------------|------------------------------------|-------------------------------|
| WO 9324655    A                                    | 09-12-1993                    | EP    0642590 A<br>US    5665544 A | 15-03-1995<br>09-09-1997      |
| -----<br>WO 9955858    A                           | 04-11-1999                    | DE    19820190 A                   | 04-11-1999<br>-----           |

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT OR DRAWING
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- GRAY SCALE DOCUMENTS
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- OTHER: \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**

2025 RELEASE UNDER E.O. 14176